

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 1, 2005, 02:26:23 ; Search time 1156 Seconds
(without alignments)
10553.702 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctcttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapect 1.0

Searched: 1202784 seqs, 818138359 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2405568

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : Issued Patents NA: *
1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A_COMB.seq: *
2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B_COMB.seq: *
3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq: *
4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq: *
5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq: *
6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfile1.seq: *

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	462	6.2	1636	6 5447867-2	Patent No. 5447867
2	462	6.2	1636	6 5447867-2	Patent No. 5447867
3	273.4	3.7	51952	3 US-08-947-823-1	Sequence 1, Appl
4	271.6	3.6	2466	3 US-09-363-243-1	Sequence 1, Appl
5	271.6	3.6	4459	3 US-09-363-243-2	Sequence 2, Appl
6	268	3.6	2466	3 US-09-363-243-1	Sequence 1, Appl
7	268	3.6	4459	3 US-09-363-243-2	Sequence 2, Appl
8	133.4	1.8	219	1 US-08-463-213-1	Sequence 1, Appl
9	133.4	1.8	219	6 5453566-1	Patent No. 5453566
10	133.4	1.8	219	6 5453566-1	Patent No. 5453566
11	123.8	1.7	18773	4 US-09-949-016-14164	Sequence 1, Appl
12	123.8	1.5	18773	4 US-09-949-016-14164	Sequence 1, Appl
13	113.6	1.5	19124	2 US-08-487-826B-13	Sequence 13, Appl
14	109.2	1.5	30820	4 US-09-949-016-17145	Sequence 17145, A
15	107.8	1.4	95255	4 US-09-949-016-17067	Sequence 17067, A
16	106.2	1.4	95255	4 US-09-949-016-17067	Sequence 17067, A
17	104.4	1.4	187169	4 US-09-949-016-12776	Sequence 12776, A
18	104.4	1.4	187169	4 US-09-949-016-12776	Sequence 12776, A
19	103.8	1.4	187169	4 US-09-949-016-12776	Sequence 12776, A
20	103.8	1.4	191569	4 US-09-949-016-15940	Sequence 15940, A
21	100	1.3	205044	4 US-09-949-016-15940	Sequence 15940, A
22	100	1.3	205044	4 US-09-949-016-15852	Sequence 15852, A
23	100	1.3	205044	4 US-09-949-016-15852	Sequence 15852, A
24	100	1.3	223471	4 US-09-949-016-12387	Sequence 12387, A
25	100	1.3	223471	4 US-09-949-016-12724	Sequence 12724, A
26	100	1.3	223471	4 US-09-949-016-12725	Sequence 12725, A
27	95.6	1.3	119153	4 US-09-949-016-12378	Sequence 12378, A

28	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15348	Sequence 15348, A
29	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15349	Sequence 15349, A
30	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15350	Sequence 15350, A
31	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15507	Sequence 15507, A
32	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15508	Sequence 15508, A
33	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15509	Sequence 15509, A
34	94.2	1.3	30820	4 US-09-949-016-17145	Sequence 17145, A
35	93.2	1.2	59519	4 US-09-949-016-13504	Sequence 13504, A
36	92.6	1.2	6124	3 US-08-213-419B-3	Sequence 3, Appl
37	92.6	1.2	25057	4 US-09-949-016-11794	Sequence 11794, A
38	92.6	1.2	25441	4 US-09-949-016-14232	Sequence 14232, A
39	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15348	Sequence 15348, A
40	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15349	Sequence 15349, A
41	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15350	Sequence 15350, A
42	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15507	Sequence 15507, A
43	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15508	Sequence 15508, A
44	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15509	Sequence 15509, A
45	91	1.2	612	4 US-09-902-540-1357	Sequence 1357, Ap

ALIGNMENTS

RESULT 1	5447867-2	6.2% Score 462; DB 6; Length 1636;
Patent No. 5447867		Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.7e-75;
TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT DNA CONTAINING PECTIN		Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
ESTERASE GENE SEGMENTS		
NUMBER OF SEQUENCES: 4		
CURRENT APPLICATION DATA:		
APPLICATION NUMBER: US/08/24, 866		
FILING DATE: 26-FEB-1993		
PRIOR APPLICATION DATA:		
APPLICATION NUMBER: 720, 629		
FILING DATE: 25-JUN-1991		
APPLICATION NUMBER: 419, 779		
FILING DATE: 29-SEP-1989		
APPLICATION NUMBER: 119, 614		
FILING DATE: 12-NOV-1987		
SEQ ID NO:2:		
LENGTH: 1636		
5447867-2		
Query Match	6.2%	Score 462; DB 6; Length 1636;
Best Local Similarity	100.0%	Pred. No. 1.7e-75;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;		
Qy	6785	CAGTTTCACAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGCACAAAGTCA 6844
Db	1161	CAGTTTCACAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGCACAAAGTCA 1220
Qy	6845	ACAAAGGTGACATTAATTTGATTGATGACGACAACTTTCATGTGAGAAATTATATG 6904
Db	1221	ACAAAGGTGACATTAATTTGATTGATGATGACGACAACTTTCATGTGAGAAATTATATG 1280
Qy	6905	GAGATTAATTAATTTGATGAGGGAAGTGAACCATCAAGGTAGTGCACAAAATGTC 6964
Db	1281	GAGATTAATTAATTTGATGAGGGAAGTGAACCATCAAGGTAGTGCACAAAATGTC 1340
Qy	6965	CATTTTAACATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
Db	1341	CATTTTAACATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 1400
Qy	7025	GAGCTCTTTGATTAATTTATTAATTTATATCTATGATCTTCAATATATGACATATGA 7084
Db	1401	GAGCTCTTTGATTAATTTATTAATTTATATCTATGATCTTCAATATATGACATATGA 1460
Qy	7085	TATATTCATTAACAAATCTATATCTATGATATGAAATATTTATATATATGACAGGA 7144
Db	1461	TATATTCATTAACAAATCTATATCTATGATATGAAATATTTATATATATGACAGGA 1520
Qy	7145	TTGAGTTTAAATTAAGACTATGATTTCTATTTCTATGTCAAAAGTTGACGATTTGT 7204

Db 1521 TTGAAGTTTAAAGACACTATGTAATTTCTATTTCTAGCAAAAGTTTGACATTTGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAAAGTACAAATAATAAAGCTATTTATATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAAAGTACAAATAATAAAGTTTATTTATATGA 1622

RESULT 2
5447867-2
; Patent No. 5447867
; APPLICANT: BRIDGES, IAN, SCHUCH, WOLFGANG, GRIERSON, DONALD
; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT DNA CONTAINING PECTIN
; ESTERASE GENE SEGMENTS
; NUMBER OF SEQUENCES: 4
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/24,866
; FILING DATE: 26-FEB-1993
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 720,629
; FILING DATE: 25-JUN-1991
; APPLICATION NUMBER: 419,779
; FILING DATE: 29-SEP-1989
; APPLICATION NUMBER: 119,614
; FILING DATE: 12-NOV-1987
; SEQ ID NO: 2
; LENGTH: 1636
5447867-2

Query Match 6.2%; Score 462; DB 6; Length 1636;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1,76-75;
Matches 46; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
Qy 6785 CAGTTTTCAGCAGTTTCAAGTGAATAATGTTGTTGATGAGATATCAAGGCGACAAGTGCA 6844
Db 1161 CAGTTTTCAGCAGTTTCAAGTGAATAATGTTGTTGATGAGATATCAAGGCGACAAGTGCA 1220
Qy 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTTGACAGCAAACTTTCCATGTGGAAGAAATTATATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTTGACAGCAAACTTTCCATGTGGAAGAAATTATATG 1280
Qy 6905 GAGATATTAATTTAGTGGGGAAGTGAAGAAACCATCAAGGCTACGTCAGCAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGATATTAATTTAGTGGGGAAGTGAAGAAACCATCAAGGCTACGTCAGCAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTACAGTCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAAAATTTGACAGAT 7024
Db 1341 CATTTTACAGTCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAAAATTTGACAGAT 1400
Qy 7025 GAGGCTCTTTGATTAATTTATTTATATGATCTTCAATATATATGCAATATGA 7084
Db 1401 GAGGCTCTTTGATTAATTTATTTATATGATCTTCAATATATATGCAATATGA 1460
Qy 7085 TATATGACAATAAACAATCTATATCTATGTATTTGAATAATTTATTAATATGATGGA 7144
Db 1461 TATATGACAATAAACAATCTATATCTATGTATTTGAATAATTTATTAATATGATGGA 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAAATGAACATGATGATTTTCTATTTTCTAGTCAGAAAAGTTTGAAGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAAATGAACATGATGATTTTCTATTTTCTAGTCAGAAAAGTTTGAAGATGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAAAGTACAAATAATAAAGCTATTTATATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAAAGTACAAATAATAAAGCTATTTATATGA 1622

RESULT 3
US-08-947-823-1
; Sequence 1, Application US/08947823
; Patent No. 6114605
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Williamson, Valerie M.
; APPLICANT: Kaloshian, Iegouhi

APPLICANT: Yaghoobi, Jafar
APPLICANT: Bodeau, John
APPLICANT: Milligan, Stephen
TITLE OF INVENTION: Procedures and Materials for Conferring
TITLE OF INVENTION: Pest Resistance in Plants
NUMBER OF SEQUENCES: 5
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
CITY: San Francisco
STATE: California
COUNTRY: USA
ZIP: 94111-3834
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/947,823
FILING DATE: 09-OCT-1997
CLASSIFICATION: 800
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: PCT/US97/18802
FILING DATE: 09-OCT-1997
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 60/028,191
FILING DATE: 10-OCT-1996
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Bastian, Kevin L.
REGISTRATION NUMBER: 34,774
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 023070-070210US
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 576-0200
TELEFAX: (415) 576-0300
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 51952 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULAR TYPE: DNA (genomic)
US-08-947-823-1

Query Match 3.7%; Score 273.4; DB 3; Length 51952;
Best Local Similarity 84.0%; Pred. No. 1,66-40;
Matches 352; Conservative 0; Mismatches 46; Indels 21; Gaps 3;
Qy 4785 ACAATTAATTAAGGCGGTTTGATGGCGAATTAAGACGTTTAAAAAGTACTTTTAA 4844
Db 38677 ACAATTAAGGCGCGTTTGATGGCGTTAATTAAGCAGCTTTAAAAAGTACTTTTGA 38736
Qy 4845 AGTGTGAAACTTATTTTAAATAAGCAATTAAGGTTTGGATTAAGTGTGAAGTTG 4904
Db 38737 AGTGTGAACTTATTTTAAATAAGCAATTAAGGTTTGGATTAAGTGTGAAGTTG 38796
Qy 4905 TTATGTCAAAAGTGAAGAAAGGAAAAATGAGAAAGAAATGTTGGGTTATATGCTAT 4964
Db 38797 TTATGTCAAAAGTGAAGAAAGGAAAAATGAGAAAGAAATGTTGGGTTATATGCTAT 38856
Qy 4965 -----TTGATTAATAATTAATTAAGCACAATAAAGATTAAGTGTCAACTTAACAA 5017
Db 38857 TTGAGATTTGATTAACATATTAAGGAAACACATTAATAATGTGTCACCTTAACAG 38916
Qy 5018 CTTTAAGCT-----ACCTTAACCTACCCGACGTTTAACTTTTGGCTTAAATAA 5068
Db 38917 CTTTAAGCTTAATAAAGGACCCCTACCCGACGTTTAACTTTTAACTTAATAA 38976
Qy 5069 GTTTTATTTTAAACTTAATAATAGTGTGTTGATTTGCAAGAGCTTAATAATG 5128
Db 38977 GTTTTATTTT-----ACTTAATAATAGCTATTTTGACATTTGCCAACAAGTAAATAAGT 39031
Qy 5129 CAAAACACGCTTTTAAGTCACTTTGACACGCTTTTAAGCTGAGCCAAACAGGCTCTTA 5187

Db 39032 CAAAACACAGCTTTAAGTGTGACACAGCTTTAAGTGTGACCAACAGCGCTTAA 39090

RESULT 4
US-09-363-243-1/c
Sequence 1, Application US/09363243
Patent No. 6414221
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Oetiker, Juerg H.
APPLICANT: Shiu, Oi Yin
APPLICANT: Yang, Shang Pa
APPLICANT: Yip, Win Kin
TITLE OF INVENTION: The Regents of the University of California
TITLE OF INVENTION: Transiently Activated Stress-Inducible Plant Promoters
FILE REFERENCE: 023070-097000US
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/363, 243
NUMBER OF SEQ ID NOS: 16
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 1
LENGTH: 2466
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
OTHER INFORMATION: 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC)
OTHER INFORMATION: synthase (ACS) LE-ACS7 promoter from tomato
US-09-363-243-1

Query Match 3.6%; Score 271.6; DB 3; Length 2466;
Best Local Similarity 59.1%; Pred. No. 1.5e-40;
Matches 606; Conservative 0; Mismatches 389; Indels 31; Gaps 7;

QY 5 TTCTTAAAGGCAATTGATTAATTGCACTCAAAATTAATTAATTAACAGTGA 64
DB 1714 TTGATTAACCTATGATGATTAATTAAGCGGCACTAAATGTAACACTTA 1655
QY 65 GCACCTTAAGAACCATAGTTGAAGGTTCAATGCGCTATATTAATTAACACTGAT 124
DB 1654 ACTTAAGAACCATAGTTGAAGGTTCAATGCGCTATATTAATTAACACTGAT 1595
QY 125 AATTAAGAACCATAGTTGAAGGTTCAATGCGCTATATTAATTAACACTGAT 184
DB 1594 AATTAAGAACCATAGTTGAAGGTTCAATGCGCTATATTAATTAACACTGAT 1595
QY 185 TACAAACCTACATC-GCTCACTATGACTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 243
DB 1534 TTCAAAATACCTTCTCATCTCATATGCGTCCAAATTAATTAATTAATTAAT 1475
QY 244 GTTAAATTAAGCACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 303
DB 1474 GTTAAATTAAGCACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1415
QY 304 ATACATGCGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 363
DB 1414 ATACATGCGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1355
QY 364 AACTACCACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 408
DB 1354 TACTACCACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1295
QY 409 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 468
DB 1294 GCTACTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1235
QY 469 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 528
DB 1234 CTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1175
QY 529 GCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 588
DB 1174 GTCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1115

QY 589 CTT-----TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 642
DB 1114 TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1055
QY 643 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 702
DB 1054 GCGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 995
QY 703 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 758
DB 994 TCAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 935
QY 759 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 817
DB 934 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 875
QY 818 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 877
DB 874 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 816
QY 878 GATGAGAGGTTATTTAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 937
DB 815 GATGAGAGGTTATTTAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 756
QY 938 TGAATGAGAGGTTATTTAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 997
DB 755 TGA---ATGAAGGTTATTTAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 699
QY 998 TCCCTT 1003
DB 698 TCCGTT 693

RESULT 5
US-09-363-243-2/c
Sequence 2, Application US/09363243
Patent No. 6414221
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Oetiker, Juerg H.
APPLICANT: Shiu, Oi Yin
APPLICANT: Yang, Shang Pa
APPLICANT: Yip, Win Kin
TITLE OF INVENTION: The Regents of the University of California
TITLE OF INVENTION: Transiently Activated Stress-Inducible Plant Promoters
FILE REFERENCE: 023070-097000US
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/363, 243
NUMBER OF SEQ ID NOS: 16
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 2
LENGTH: 4459
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
OTHER INFORMATION: 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC)
OTHER INFORMATION: synthase (ACS) LE-ACS7 gene
NAME/KEY: exon
LOCATION: (2464)..(2742)
NAME/KEY: intron
LOCATION: (2743)..(2845)
NAME/KEY: exon
LOCATION: (2846)..(3006)
NAME/KEY: intron
LOCATION: (3007)..(3102)
NAME/KEY: exon
LOCATION: (3103)..(4066)
NAME/KEY: CDS
LOCATION: join(2464..2742, 2846..3006, 3103..4066)
US-09-363-243-2

Query Match 3.6%; Score 271.6; DB 3; Length 4459;
Best Local Similarity 59.1%; Pred. No. 1.5e-40;
Matches 606; Conservative 0; Mismatches 389; Indels 31; Gaps 7;

QY	5	TTCTTAAAAAGCGAAATTTGATTAATTGGAAGTCAAAATAATTAAATTATTAACAAATGCTAAA	64
Db	1714	TTGATTTAACTTATGATTTGAATTAATTAAAAGGGGCACTAAATATGTAACAACTTATTA	1655
QY	65	GCACCTTAAAGAAACCATAGTTTGAAGGTATCCAAATGCGCTATATATTAATCACTTGAT	124
Db	1654	ACTAAAGAAGACCAATTCACCCCGCTCAATTTAAGCATACATTAACAAATAGTATAT	1595
QY	125	AATATATAAAAAAATTTCATTCGAAAAGGGCTAAATATTTCTCAAAGTATTCGAAATG	184
Db	1594	AATTTATTTTAAAGCAAGTATTTGAAAAGTATCAAAAATTAACCTTCATCCACTATTTGCG	1535
QY	185	TACAAAACTACCATC-CGTCCACCTATTTGACCTCAAAAATTAATAATATATCCACTTTGA	243
Db	1534	TTCAAAATACCTTTGCATCCATCTATTTGGGTCCAAAATACCTTTGTCTATCCACTTTTG	1475
QY	244	GTTTAAAAATTGACTCTATATATACAAATCTTAATTTAACTATTTTATATATCTTTAAA	303
Db	1474	GTTTAAAAATTGACCACTTATTTAAAGATTTATATTTAACTATTTAAATTTTAAAA	1415
QY	304	ATACATGGCGCTCAATATATTTAATTAATTTAATTATGAATATCACTTATTAACCAAC	363
Db	1414	ATACTGGGTGCTCAACTATTTGTTATTAATTTAATCTATACAGTATTTAATAATTAATCAATC	1355
QY	364	AACTACCAACTCATTTAATCATTTAAATCCCAACCA-----ATTCCTCAT	408
Db	1354	TACTACCAACGCACTACTAATTAATATCCCTGAAATGAAACCGGTCACTATTTATAGCA	1295
QY	409	CAAAATTTGCTTAAACACTACTATAAACAAAGCAAAATTTGTCGATCGCAATCGAACAC	468
Db	1294	GCTACTGCAATTAAGTGTCTTTAAAAATTTAAAGTAATTTATCATCTACATTCAGATGG	1235
QY	469	CAATCTAATTTAGTTTGAAGCGCATATTTAGAGAGACCTTCAATAGTATTTTTCAA	528
Db	1234	CTACATTAATAATCAACCGATTAACCTTAAAGCTGACATAGTTCATCTTAATTAATTTCTTAC	1175
QY	529	GCATGAATTTGAATTTAAGATTAATGTTAAGATGATACACCCGAATTTAATTCATGC	588
Db	1174	GTCTCAATTAATGATGATGTACTCTCATAGGTAACTTTTTTCAAAATATATATTAAGGT	1115
QY	589	CTT-----TTTAAATTAATTTATTAATTAATTTATTAATTTGTTGTTTAAATATTAAACT	642
Db	1114	TTTAAATTAATTAATTAATTTATTTAAATTAATTTAATAAAAGTGCATGAATTAATTC	1055
QY	643	TGAATATATTAATTTTAAAAAAATATCTATAAGTACCATCAATAATTGAGACGAGGA	702
Db	1054	GGAGTATATATTTCTTACCTTCATTTTGAAGAAAGTGTCTCTCTAAATTAAGCGC	995
QY	703	ATATTTAAGATGA-----CATAGTTTAATTTAGTAATGATGGGTATGTAATTTATTA	758
Db	994	TCAACTTAATTTAATGAGTGAAGTATTAATGATATGATGGGTAGTGGATTTGGTTTA	935
QY	759	TAAATTTATCAATAGTAAAA--TTATACAAAATATTTGAGCGCATGATTTTAAAAAA	817
Db	934	TAAATTTATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	875
QY	818	TATTAATTAAGTTGAATTTAAAAACGTTAGATPAATGTGCAATTTTGAACCCAAAAAGTG	877
Db	874	TATTTAAAGTATTAATTTATTAACAATTA-AAAAATGTGCATATTTTGAACCCAAAGGTT	816
QY	878	GATGAGAAGGTATTTTAGAGCAATGAGGGGATGGAAGATATTTTGAAGCAATANG	937
Db	815	GATGACAAAGGTATTTGTAGCCAAATGGGTATGAAAAAGACATTTTGAAGCAATAG	756
QY	938	TGATGATGAGATTAATTTGTATCATTTCTATATCTTTAAAGATATTTTAAAGTTCATTT	997
Db	755	TGA---ATGAAGGTATTTTGTACATTTTCAATCTTTAAGGTATTTTAAAGCCCTTG	699
QY	998	TCGCTT 1003	
Db	698	TCGCTT 693	

```

RESULT 6
US-09-363-243-1
; Sequence 1, Application US/09363243
; Patent No. 6414221
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Oetiker, Juerg H.
; APPLICANT: Shlu, Qi Yin
; APPLICANT: Yang, Shang Fa
; APPLICANT: Yld, Win Kin
; APPLICANT: The Regents of the University of California
; TITLE OF INVENTION: Transiently Activated Stress-Inducible Plant Promoters
; FILE REFERENCE: 023070-097000US
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/363,243
; CURRENT FILING DATE: 1999-07-28
; NUMBER OF SEQ. ID NOS: 16
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 2466
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lycopersicon esculentum
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC)
; OTHER INFORMATION: synthase (ACS) 1F-ACS7 promoter from tomato
US-09-363-243-1

```

Query Match	3.6%;	Score 268;	DB 3;	Length 2466;
Best Local Similarity	59.9%;	Pred. NO. 6.9e-40;		
Matches 603; Conservative	0;	Mismatches 372;	Indels 32;	Gaps 8;

QY	143	ATTGAAAAGGGCCGTAATAATATTCGAAAGATTGCAAAATGGTAGCAAAACATACCACTCGGT	202
Db	724	ATTGAAAATGGTACAAAATTTACCTTCATTCCTATTGACTCCAAAATGCTTTTTCAT	783
QY	203	CCACCTATTGACTCCAAAATTAATAATATATATCAACCTTTGAGTTTAAATTTGACACTCTTA	262
Db	784	CCACCTATTGGCTACAAAATACCTTGTATCAACCTTTGGGTTCAAAATTTGACCA- TTT	842
QY	263	TATACAAATTCGAAATTTTAACTATTTTAAATACCTTTTAAAAATACATGGCGTTCAATAT	322
Db	843	TTTAATTTGTATTAATAAATTAAACCTCTTAAATATTTTAAATACCTGGCGCTTCAACTAT	902
QY	323	TTAAAT- AATTATTTATGAAATATCATCTTATATAACCAACCACTACCACTCAATAT	381
Db	903	TTAATTAATAATTTATTTATTTATTAATTTTATTAACCAATCCACTACCACTCAATACT	962
QY	382	CATTAAATCCACCOCOAATTTCTACTATCAAAATTTGCTCTAACACTACTAATAACAAGCG	441
Db	963	AACATAAACCTCACTCAATTAATTAATTAGTGTAGCGCGCTTATTTAGAGAGACACTTCTTT	1022
QY	442	AAATTTGTCGAGTCGAGATCGAACCAACATCTAATTAGTTGAGCGGCATATTTTGA	501
Db	1023	CMAATTTGAATGGTAAGAAATTAATPAATCCCGAATTAATTCATGCACTTTTAAATA	1082
QY	502	GGACACTTTCATA- -----GTATTTTTCAGACATGAATTTGAAATTTAAGATTAATG	555
Db	1083	TAAATTTATAAATTTATATGATTTATTTTAAACCTTAAATATATATTTTGAAAAAAAG	1142
QY	556	GTA- - -AAGAAGTAGTACACCCGAATTAATTCATGCTTTTAAATATATATATATAA	612
Db	1143	TTACCTTAAGAGTAACATCAATTAATTTGACAGTAACAAATTAATTAAGATCAACATGTCA	1202
QY	613	TATTTATGATT- - - - -TGTTTAAATATTAATACTGAAATATATTTTAAAAAAA	665
Db	1203	GACTTTTAAGTTTATCGGTATTTTATATGTAGCAGCTGTAATGTATATATTAATCTTTT	1262
QY	666	TTATCTATTAAGTACATCAATTAATTGACAGCAGGAATTAATTAAGATGAACAT- - - - -	719
Db	1263	ATAATTTTAAAGAACATTAATTGGCAGTAGCTTGCAATTAATATGACGGGTGATTT	1322
QY	720	- - - - -AGTGTTAATTAAGTAATGATGGGTAGTAAATTTATTTAATAATTAATCAATTAAGT	776
Db	1323	AGAGGATTTAATTAATTAAGTATCGGTGTAGTATGATTAATTAATTAATTAATCACTGAATAGT	1382

203 CCACCTATTGACTCCAAATAATATTATCCACCTTGAGTTAAATTGACTACTTA 2622

TITLE OF INVENTION: ANTI-SENSE REGULATION OF GENE

TITLE OF INVENTION: ANTI-SENSE REGULATION OF GENE

```

; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION IN PLANT CELLS
; NUMBER OF SEQUENCES: 1
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Calgene, Inc.
; STREET: 1920 Fifth Street
; CITY: Davis
; STATE: CA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 95616
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Diskette, 3.50 inch, 2.0 MB
; COMPUTER: Apple Macintosh
; OPERATING SYSTEM: Macintosh 7.1
; SOFTWARE: Microsoft Word 5.1 (a)
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/463,213
; FILING DATE: 5-JUNE-95
; CLASSIFICATION: 800
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 07/750,505
; FILING DATE: 27-AUG-91
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 07/240,408
; FILING DATE: 30-AUG-88
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 06/920,574
; FILING DATE: 17-OCT-86
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 06/845,676
; FILING DATE: 28-MAR-86
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Elizabeth Lassen
; REGISTRATION NUMBER: 31,845
; NAME: Donna E. Scherer
; REGISTRATION NUMBER: 34,719
; NAME: Carl J. Schwedler
; REGISTRATION NUMBER: 36,924
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: CGNE 26-4
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (916) 753-6313
; TELEFAX: (916) 753-1510
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 219 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: double
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: cDNA to mRNA
; US-08-463-213-1

Query Match 1.8%; Score 133.4; DB 1; Length 219;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.7e-15;
Matches 134; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 2416 GCATTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACCCTGTTCAATTGTGGTT 2475
DB 76 GCATTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACCCTGTTCAATTGTGGTT 135
QY 2476 CCTAAACAAGAAATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCCATGAGATCTTCT 2535
DB 136 CCTAAACAAGAAATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCCATGAGATCTTCT 195
QY 2536 ATTCAGTAAAGATT 2550
DB 196 ATTCAGTAAAGATT 210

RESULT 9
5453566-1
; PATENT NO. 5453566
; APPLICANT: SHEWMER, CHRISTINE K.; KRIDL, JEAN C.; HIATT,
; WILLIAM R.; KNAUF, VIC
; TITLE OF INVENTION: ANTISENSE REGULATION OF GENE EXPRESSION
```

```

; IN PLANT/CELLS
; NUMBER OF SEQUENCES: 2
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/750,505
; FILING DATE: 27-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 240,408
; FILING DATE: 30-AUG-1988
; APPLICATION NUMBER: 920,574
; FILING DATE: 17-OCT-1986
; APPLICATION NUMBER: 845,676
; FILING DATE: 28-MAR-1986
; SEQ ID NO: 1:
; LENGTH: 219
5453566-1

Query Match 1.8%; Score 133.4; DB 6; Length 219;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.7e-15;
Matches 134; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 2416 GCATTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACCCTGTTCAATTGTGGTT 2475
DB 76 GCATTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACCCTGTTCAATTGTGGTT 135
QY 2476 CCTAAACAAGAAATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCCATGAGATCTTCT 2535
DB 136 CCTAAACAAGAAATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCCATGAGATCTTCT 195
QY 2536 ATTCAGTAAAGATT 2550
DB 196 ATTCAGTAAAGATT 210

RESULT 10
5453566-1
; PATENT NO. 5453566
; APPLICANT: SHEWMER, CHRISTINE K.; KRIDL, JEAN C.; HIATT,
; WILLIAM R.; KNAUF, VIC
; TITLE OF INVENTION: ANTISENSE REGULATION OF GENE EXPRESSION
; IN PLANT/CELLS
; NUMBER OF SEQUENCES: 2
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/750,505
; FILING DATE: 27-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 240,408
; FILING DATE: 30-AUG-1988
; APPLICATION NUMBER: 920,574
; FILING DATE: 17-OCT-1986
; APPLICATION NUMBER: 845,676
; FILING DATE: 28-MAR-1986
; SEQ ID NO: 1:
; LENGTH: 219
5453566-1

Query Match 1.8%; Score 133.4; DB 6; Length 219;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.7e-15;
Matches 134; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 2416 GCATTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACCCTGTTCAATTGTGGTT 2475
DB 76 GCATTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACCCTGTTCAATTGTGGTT 135
QY 2476 CCTAAACAAGAAATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCCATGAGATCTTCT 2535
DB 136 CCTAAACAAGAAATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCCATGAGATCTTCT 195
QY 2536 ATTCAGTAAAGATT 2550
DB 196 ATTCAGTAAAGATT 210

RESULT 11
```

Query Match	1.7%;	Score 123.8;	DB 4;	Length 18773;
Best Local Similarity	46.6%;	Pred. No. 3.2e-13;		
Matches 579; Conservative	0;	Mismatches 647;	Indels 17;	Gaps 5;

[illegible]

D	b		6883 CCTTATTATCATAATTAATATATATATTTATTTTAGCTTTAATTTAACTA	6824
Oy		506 ACTTCACATAGCATATTTTTTCCAGCATGAAATTGGAAATTAAGAATTAATCGTAAAAGAGT	565	
D	b	6823 AAATTTATBAAAA-----TGAGABAAAAAAAAATACGAHAATACCAACTHTAAAAAGTBA	6770	
Oy		566 AGTACACC CGCAATTAATTCATGCCCTTTTAAATPAATPATAPATAATTTATGATTTGG	625	
D	b	6769 TATGCAACGTGTTATATATTTAATTTAACAATPAPATPGATATTTTTTTTGACCTT	6710	
Oy		626 TTTTAAATATTA----AAACTGAATATNTATTTTTTAAAAAAATATCTATTAAGTACC	681	
D	b	6709 TAATTTAATTTATATATATATATATATATATTAATTAAGACATPACAAAGACACMAATAGTCT	6650	
Oy		682 ATCACATATATGAGACGAGAAATATTAAGAACATAGTGTAAATTAGTAATGATNG	741	
D	b	6649 TC GTTTCTCTCATCTATATNTCTATCATATTTTAATTTCAATATATATATATATTTGTA	6590	
Oy		742 GGTAGTAAATTTATTTATPTAAATATATATCATATAGTAAATATPACMAAATTTGAGGC	801	
D	b	6589 TAGATACATATCTTGTATATGTTGTATATATATTTAAAGTAGATATATATATATTAAT	6530	
Oy		802 CATGATTTTAAAAATATTTAAATPAGTTGAAATTTAAACCGTTAGTAAATGTCAT	861	
D	b	6529 TTGTGTTGTATATATTTAATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	6470	
Oy		862 TTGAGCCCAAAGAGGATGAGAAAGGATTTTAA--GAGCCAATAGGGGATGAGAGAGT	920	
D	b	6469 GATPAATATATPACGGHAAAATATATTTATTTATATATATATATATATATATATATAT	6410	
Oy		921 AATTTGAAGCAATATGTATGATGATGAGATATTTGTATCATTTCTMAATCTTAA	980	
D	b	6409 GTTTTATCATTTGTTTGTGTATTTTATATGATTTCAATGATTTTATGAATTTCA	6350	
Oy		981 GATATTTAGTCATTTTCCCTTCTTGT---TTATAGCATATAGTTTATGTCATCG	1036	
D	b	6349 AATTTATATGATATATATATAAAAAATAGTAAATAACATATTAATAATATATATATCA	6290	
Oy		1097 AATATCATCTATATTTCCGCTTPAAATATTTTTTATTTTAAATAATTTTAAAAATAA	1096	
D	b	6289 AATATGACTTATATATAAAATGTTCA--TGTTCTATATATTTATATTAATGAAAATATTT	6232	
Oy		1097 ATTATTTTTTCCATTTAACTTTGATGTGAAATTAATTTTAAAAAATTTACCAATATAAT	1156	
D	b	6231 GTTATTAATATTAATCATATATGCTACATATATTAATATTAATATATCTTTAAAGTATAT	6172	
Oy		1157 AAAATTAATTTTAA CAAAGATGTGAATCATATATTTTTTAAATTTCAAATTAATA	1216	
D	b	6171 ACCTAAAAATATTTAAAAATGCAATGTATAAAAATAGTATAAAAATCATATATATATATTA	6112	
Oy		1217 TTTTAAACATCATATAAAGAAATAGCAAAAAAATTGAGCGGGAAGACAGCCA	1276	
D	b	6111 TATATA-----TAT	6057	
Oy		1277 GACAAAAATGTCCAAAGAACTCTTGCCTAAATATCTCTCATCCAACTATATATATAC	1336	
D	b	6056 TTTATTTTATATCCAAATACGTATATGTTTATATTTGTTATATATATATATATACAAAA	5997	
Oy		1337 CCATTTACATTAACCATATATGACCAACTCAACCCCCTTAAATCTATAATAGCAAAAC	1396	
D	b	5996 GAACGACAAAGATPAAACAAAAAATTAATATATTAAGATATATATATATAAACTA	5937	
Oy		1397 CTTCOCATACCTTATCATATAAAAAAATATATAACTTTTCAATAGCAAGCTTAAABA	1456	
D	b	5936 ATTTAC-----TATTAGTATAGTTTTTAAAGTCTTATATATATATATATATATAT	5888	
Oy		1457 CCATACCATATPACATATATATCATGTGTATCCAAAGAAATAGTATCTCTTCCATATAT	1518	
D	b	5887 TATTTTATACAAATATATATCTGTGAATATGATATGTGTATATCTAATTTTTTA-TAT	5829	
Oy		1517 TATTTTGTCTTCATCATTTTCAACTTGTAGAACGATGTATATGATGCAATTTATTTCA	1576	

[illegible]

Oy	511	CAATGTAATTTTTTTCACAGCATGAANTGGAAATTAGAATTANGGAAAGAGTGATC	570
Db	6073	ATAATTTAATACCTATATATTAATATATATAATATATATTTAATACATATATTAATATATA	6132
Oy	571	AACCGAATTAATTCATGCCTTTTTTAAAATATAATTTATATAATTAATTTATGCTTGTGTTTA	630
Db	6133	ATATATATTATATPACATA	6189
Oy	631	AATATTTAAAACTTGAATATATATTTTTTAAAAAAATTTCTATTTAAAGTACATCATAA	690
Db	6190	TATATATATATACTATATTTATATATAGTATATTTAATACATATATATATAGTATATATAG	6249
Oy	691	TTGACAACGAGGAATATAAAGAACATACAGTCTTAATTAGTAAATGCAAGGGTAGTAAA	750
Db	6250	AATATATTTATATATTTGTATATGAAGAAATATATATATATATATATATATATATATATA	6309
Oy	751	TTTATTTTATMAATTAATATCAATAGTAAATTTAAACAATATTTTGAGCCCATGATTT	810
Db	6310	TTATATATTTGTATATATGAAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	6369
Oy	811	TAAAAAATRTTAAATAGTTTGATTTAAAAACCGTAGATAAATGGTCAATTTGAAACC	870
Db	6370	ATTGTATATAGATATAAATATATATATATATATTTGATATAGATATTAATATATATATTTG	6429
Oy	871	AAAAGGTGAGGAAGCGTATTTTAAGCCAAATGAGGGGATGGAAGGATATTTTGAGC	930
Db	6430	TATATATAGAT	6489
Oy	931	CATATGTGATGAGTGGAGCAT---AATTTGTATCATTTCTAAATCTTTAAAGATATT	986
Db	6490	TBAAGTAT	6549
Oy	987	TTAGGTCATTTCCCTCTTTAGTTATAGACTATAGTGTAGTTCATGCAATATCATCT	1046
Db	6550	AT	6609
Oy	1047	ATTATTTCCGCTTAAATATATTTTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	1106
Db	6610	ATTATATATTTGATATATAGATATAAATATATATATATATATATATATATATATATATAT	6669
Oy	1107	CCATTTAACTTTGATTTGATTAATTTTAAAAATTTAAACCAATATTAATTAATTAATTA	1166
Db	6670	ATATATTTATATTAAT	6728
Oy	1167	TTTAAACAAGAAATGTACATATATTTTTTTTAAATTTTCAAAAATAAATATTTTTTAAACA	1226
Db	6729	AT	6788
Oy	1227	TCAT 1230	
Db	6789	TGAT 6792	

```

RESULT 15
US-09-949-016-17067
; Sequence 17067, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: C1001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949, 016
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241, 755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237, 768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231, 498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

```

```

; SEQ ID NO 17067
; LENGTH: 95255
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURES:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)..(95255)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-17067

```

Query Match	1.4%;	Score 107.8;	DB 4;	Length 9525;
Best Local Similarity	42.9%;	Pred. No. 4.2e-10;		
Matches 756;	Conservative 0;	Mismatches 992;	Indels 13;	Gaps 4;

[illegible]

QY 1198 TAAATATTCAAAATATTTTAAACATCATATPAAAGAAATACGACAAAAAATTGA 1257
|||
Db 42849 TAGAATTATATATATATATATGTTATATATATATACAAAATATACATAATATGAAATT 42908
QY 1258 GACGGAGAAAGCAAGCAGACAAAATGTCAGAAAATCTTTCGTAAATATCTCTC 1317
|||
Db 42909 ATTT 42968
QY 1318 ATCCAACTAAT 1377
|||
Db 42969 AATTATTT 43028
QY 1378 ATCTATTT 1437
|||
Db 43029 ATTTA---TACA 43084
QY 1438 CAATAGACAACTTTAAAAACATACATATACATATATATATATATATATATATATATATAT 1497
|||
Db 43085 AAAATATACAAATTTAT 43144
QY 1498 GTATTCCTCTCTCATTTATTTTGTCTCATCATTTCACTGTAGAGCAATGTTA 1557
|||
Db 43145 AAAATATACAAATTTAT 43204
QY 1558 TTGATGACAAATTTAT 1617
|||
Db 43205 AATATATACAAATTTAT 43264
QY 1618 ATTTCAAGCTTATCTTCTTATTTTGAAGCAAAAATTTGAAGACATATATTTGACA 1677
|||
Db 43265 AATTATACAGAAATTTAT 43324
QY 1678 AGGTGATAAAAATGGAATTAAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1737
|||
Db 43325 ACAAAAATATGATATATACAGAAATTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 43384
QY 1738 GAAAAACATATGAT 1796
|||
Db 43385 TATATATACAAATTTAT 43444
QY 1797 AATGATGAGAAATTTAT 1856
|||
Db 43445 AATTGAT 43504
QY 1857 AATTATTTCTCGTTTAT 1916
|||
Db 43505 TATAGAAATGAT 43564
QY 1917 CTATTTTCCATGTAAT 1976
|||
Db 43565 TTTAT 43624
QY 1977 ACTCAGAAATATACAACTTTAT 2036
|||
Db 43625 ATGAT 43684
QY 2037 TTGCTTAAAT 2057
|||
Db 43685 TAT 43705

Search completed: March 1, 2005, 18:09:43
Job time : 1168 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 28, 2005, 19:39:33 ; Search time 3376 Seconds
(without alignments)
13073.931 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4390206 seqs, 2959870667 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 8780412

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :
1: N_Geneseq_16Dec04:*
2: geneseqn1980s:*
3: geneseqn1990s:*
4: geneseqn2000s:*
5: geneseqn2001bs:*
6: geneseqn2002bs:*
7: geneseqn2003as:*
8: geneseqn2003bs:*
9: geneseqn2003cs:*
10: geneseqn2003ds:*
11: geneseqn2004as:*
12: geneseqn2004bs:*
13: geneseqn2004ds:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2023.6	27.1	2207	2	AAV27950
2	2023.6	27.1	2207	2	AAV36973
3	2023.6	27.1	2207	3	AAZ35696
4	2023.6	27.1	2207	4	AAH47384
5	2020.8	27.1	2207	12	ADO21594
6	2017.6	27.1	2207	1	AAH80748
7	462	6.2	1636	4	AAO38415
8	459.4	6.2	1634	1	AAAN91112
9	451	6.0	1637	1	AAAN80487
10	331.8	4.5	8056	8	ABZ10246
11	328.8	4.4	8056	8	ABZ10246
12	273.4	3.7	51952	2	AAV26084
13	271.6	3.6	4459	6	ABN84856
14	268	3.6	4459	6	ABN84856
15	265.4	3.6	5822	6	AAO20853
16	217.2	2.9	2207	12	ADO21594
17	215.6	2.9	2207	1	AAH80748
18	215.6	2.9	2207	1	AAV27950
19	215.6	2.9	2207	2	AAV36973
20	215.6	2.9	2207	2	AAV36973

C 21	215.6	2.9	2207	3	AAZ35696
C 22	215.6	2.9	2207	4	AAH47384
C 23	200.2	2.7	8056	8	ABZ10100
C 24	188.6	2.5	8056	8	ABZ10100
C 25	176.2	2.4	1797	3	AAAS9331
C 26	176.2	2.4	3823	3	AAAS9329
C 27	176.2	2.4	6658	6	AAAT79882
C 28	163	2.2	15548	6	ABL34155
C 29	145.2	1.9	50000	6	ABL56643
C 30	141.4	1.9	15373	6	ABL32467
C 31	138	1.9	7498	6	ABL32257
C 32	134.8	1.8	18218	6	ABL33949
C 33	134.4	1.8	110000	13	ABD32968
C 34	133.4	1.8	219	1	AAAT71212
C 35	133.4	1.8	219	2	AAO14561
C 36	133.4	1.8	219	2	AAO99159
C 37	131	1.8	32352	6	ABL56203
C 38	130.4	1.7	50000	6	ABL56643
C 39	130	1.7	34688	6	ABO67060
C 40	129.8	1.7	5286	13	ADSS89551
C 41	128.8	1.7	32392	6	ABL56203
C 42	126.6	1.7	5286	13	ADSS89277
C 43	126.2	1.7	47108	6	ABK31511
C 44	125	1.7	5979	4	AAAS45313
C 45	125	1.7	5979	6	ABK28152

ALIGNMENTS

RESULT 1	AAV27950
ID	AAV27950 standard; cDNA; 2207 BP.
XX	
AC	AAV27950;
XX	
DT	25-MAR-2003 (revised)
DT	12-OCT-1998 (first entry)
XX	
DE	Polygalacturonase genomic DNA.
XX	
KW	Transgenic plant; tissue-specific gene expression;
KW	fruit-specific expression; polygalacturonase; tomato; ss.
XX	
OS	Lycopersicon esculentum.
XX	
PN	US5750385-A.
XX	
PD	12-MAY-1998.
XX	
PF	07-JUN-1995; 95US-00484941.
XX	
PR	17-JAN-1985; 85US-00692605.
PR	31-JUL-1986; 86US-00891529.
PR	26-MAY-1987; 87US-00054369.
PR	28-JUL-1987; 87US-00078538.
PR	25-JAN-1988; 88US-0014781.
PR	15-MAR-1988; 88US-00168190.
PR	29-APR-1988; 88US-00188361.
PR	07-NOV-1988; 88US-00267865.
PR	21-MAY-1990; 90US-00526123.
PR	09-JUL-1990; 90US-00550804.
PR	14-SEP-1990; 90US-00582241.
PR	08-AUG-1991; 91US-00742834.
PR	10-AUG-1993; 93US-00105852.
XX	
PA	(CALJ) CALGENE INC.
PI	Shenmaker CK, Faciocetti D;
XX	
DR	WPI; 1998-296772/26.
XX	
PT	Producing transgenic plant of modified phenotype - is useful for

AAZ35696 Polygalac
AAH47384 Nucleotid
ABZ10100 Haematopo
ABZ10100 Haematopo
AAAS9331 Nucleotid
AAAS9329 Nucleotid
AAAT79882 Tomato im
ABL34155 Human imm
ABL56643 AMBPV gen
ABL32467 Human imm
ABL32257 Human imm
ABL33949 Human imm
Confination (7 of
AAAT71212 Sequence
AAQ14561 Insert fr
AAQ99159 EcoRI-Bam
ABL56203 AMBPV gen
ABL56643 AMBPV gen
ABQ67060 Human ang
ADSS89551 Oligonuc
ABL56203 AMBPV gen
ADSS89277 Oligonuc
ABK31511 Signal tr
AAAS45313 Chemical
ABK28152 DNA trans

DB 1800 TGATGAGAAATATAGATATATTTGGAAGATGAAAAGTATATTTATATAAGTAGAAAA 1859
QY 1859 TTTATTTCTGTTTTTTGTA--TTAAGGTGAAATGAGTTCTTCGTTAAGCAGAGAAAG 1916
DB 1860 TTTATTTCTGTTTTTTGTAATTAAGGTGAAAAATGAGTTTCTCGTAAACGAGAAAG 1919
QY 1917 CTATTTTCATGTAAGTATGATTTTTTTTAACTTTTAACTGATAGTATTTGCTAT 1976
DB 1920 TCATTTTCATG--AACTGATTTTTTTTTTACTTTTAACTGATAGTATTTGCTAT 1978
QY 1977 ACTGAAATTAAGACACTTATTTATGATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGATAGTAA 2036
DB 1979 ACTGAAATTAAGACAC--TATTATTTGATG--TTTAGTCTCGAAAAGAAATGATAGTAA 2036
QY 2037 TTTGCTTAAATTAATCATATTTCTTATATGATATTTTTTCAACCAAAATTAACAAAGC 2096
DB 2037 TTTGCT--TAAATTAATTAATCATATTTCTTATATGATATTTTTTCAACCAAAATTAACAAAGC 2095
QY 2097 TTAATCAATTAAGTGGGCTCTAGAAATTAAGATGATTTCTATTCATTTCTTAACCTTAT 2156
DB 2096 TTAATCAATTAAGTGGGCTCTAGAAATTAAGATGATTTCTATTT--AATTTCTTAACCTTAT 2154
QY 2157 TTAATTTAGTGAACCTCGACAAA 2182
DB 2155 TTAATTTA--TGGAACCTCGACAAA 2179

RESULT 2
AAV36973
ID AAV36973 standard; DNA; 2207 BP.
XX AAV36973;

XX 25-MAR-2003 (revised)
DT 26-OCT-1998 (first entry)
XX
DE Polygalacturonase genomic DNA.
XX
KM Transgenic plant; tissue-specific gene expression; promoter;
KW fruit-specific expression; tomato; polygalacturonase; ss.
XX
OS Lycopersicon esculentum.
XX
PN US5753475-A.
XX
XX 19-MAY-1998.
PD
PF 10-AUG-1993; 93US-00105852.
XX
PR 17-JAN-1985; 85US-00692605.
PR 31-JUL-1986; 86US-00891529.
PR 26-MAY-1987; 87US-00054369.
PR 28-JUL-1987; 87US-00078538.
PR 25-JAN-1988; 88US-00147781.
PR 15-MAR-1988; 88US-00168190.
PR 29-APR-1988; 88US-00188361.
PR 02-NOV-1988; 88US-00267685.
PR 21-MAY-1990; 90US-00526123.
PR 09-JUL-1990; 90US-00550804.
PR 14-SEP-1990; 90US-00582241.
PR 08-AUG-1991; 91US-00742834.

XX (CALJ) CALGENE INC.
PA
XX
PI Houck CM;
XX
DR WPI; 1998-311403/27.
XX
PT Transformation of plants - with regulatory sequence containing constructs
XX for tissue specific expression of genes.
PS Example 17; Fig 8A-C; 67pp; English.

XX This is the nucleotide sequence of a tomato polygalacturonase genomic DNA
CC clone isolated from a genomic library by screening with polygalacturonase
CC cDNA. The polygalacturonase gene promoter is active in at least the
CC breaker through red fruit stage in tomato fruit, and can be used in a
CC novel method for the invention for producing a plant with a regulatable
CC phenotype. In this method, regulatory regions from plant genes (and T-DNA
CC and Ti or Ri plasmids) are manipulated for use with foreign sequences for
CC introduction into plant cells to provide transformed plants having a
CC phenotypic property that can be modulated. The invention is exemplified
CC with light, seed and fruit-specific promoters. Also claimed are methods
CC for altering the phenotype of fruit tissue as distinct from other plant
CC tissue, modifying the genotype of a plant to impart a desired
CC characteristic to fruit, modifying transcription in fruit tissue, and
CC expressing a heterologous DNA sequence of interest specifically in fruit
CC tissue. The method provides transformation without gall formation in
CC plants which have historically not been Agrobacterium hosts. (Updated on
CC 25-MAR-2003 to correct PR field.)
SQ
XX

Sequence 2207 BP; 870 A; 282 C; 270 G; 784 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 27.1%; Score 2023.6; DB 2; Length 2207;

Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 2.e-245;

Matches 2149; Conservative 1; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

QY 1 AGCTTCTTAAAAAGGCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATATTAATTAACAATGG 60
DB 1 AGCTTCTTAAAAAGGCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATATTAATTAACAATGG 60
QY 61 TAAAGCACCTTAAGAAACATAGTTTGAAGTTGACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
DB 61 TAAAGCACCTTAAGAAACATAGTTTGAAGTTGACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
QY 121 TGATATATATATATATATATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTTCCAAAGTATGGA 180
DB 121 TGATATATATATATATATATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTTCCAAAGTATGGA 180
QY 181 ATGGTACAAATACATCCATCCGTCACCTATGACTCCAAATTAATTAATTTACACCTT 240
DB 181 ATGGTACAAATACATCCATCCGTCACCTATGACTCCAAATTAATTAATTTACACCTT 240
QY 241 TGAGTTTAAATTAATGACTACTTATATTAACAATTCGAAATTTAACTATTTAACTTTTA 300
DB 241 TGAGTTTAAATTAATGACTACTTATATTAACAATTCGAAATTTAACTATTTAACTTTTA 300
QY 301 AAAATATATGCGCTTCAATATTTAATTAATTTAATTTAATGATATCAATTTAAACCA 360
DB 301 AAAATATATGCGCTTCAATATTTAATTAATTTAATTTAATGATATCAATTTAAACCA 360
QY 361 ACCAATACCAATCATTAATCATTAATCCACCCCAATTTCTACTTCAAAATTTGTCCT 420
DB 361 ACCAATACCAATCATTAATCATTAATCCACCCCAATTTCTACTTCAAAATTTGTCCT 420
QY 421 AAACACTACTTAAACCAAGAAATGTTGAGTCCGATCGAATCGAAGCAACATCTTAATTTA 480
DB 421 AAACACTACTTAAACCAAGAAATGTTGAGTCCGATCGAATCGAAGCAACATCTTAATTTA 480
QY 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGACACTTCAATAGTATTTTTTTCAAGCATGGAATTTGA 540
DB 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGACACTTCAATAGTATTTTTTTCAAGCATGGAATTTGA 540
QY 541 AATTTAGATTAATGTAAGAAAGTGTACA--CCGGAATTAATTCAGGCTTTTAAAT 599
DB 541 AATTTAGATTAATGTAAGAAAGTGTACATCCCGAATTAATTCAGGCTTTTAAAT 600
QY 600 ATAATTATATTAATTAATTAATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 659
DB 601 ATAATTATATTAATTAATTAATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 660
QY 660 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 718
DB 661 TAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720

```

QY 719 TAGTGTAAATAGTAATGATGGGTAGTAATTTATTTAATAATATATATCATATAGTAA 778
Db 721 TAGGTGTTAATTAATGATAGTGGTGTAGTAATTTATTTAATAATATATATCATATAGTAA 780
QY 779 AATTATACAAATATTTGAGCGCCATGTATTTTAAAAATATATTAATTAAGTTGAATTTA 838
Db 781 AATTATACAAATATTTGAGCGCCATGTATTTTAAAAATATATTAAT -AGTTGAATTTA 839
QY 839 AAACCGTTAGATTAATGTCATATTTGAAACCCAAAGTGAATGAGAGGATATTTTAGAG 898
Db 840 AAACCGTTAGATTAATGTCATATTTGAAACCCAAAGTGAATGAGAGGATATTTTAGAG 899
QY 899 CCAATAGGGGATGAGAGGATATTTTGAAGCCCATATGATGATGAGAGGATATTTT 958
Db 900 CCAATAGGGGATGAGAGGATATTTTGAAGCCCATATGATGATGAGAGGATATTTT 959
QY 959 GATATCTTCTATATCTTTTAAAGATATTTTAGTCTATTTCCCTCTTTAGTTATAGAC 1018
Db 960 GATATCTTCTATATCTTTTAAAGATATTTTAGTCTATTTCCCTCTTTAGTTATAGAC 1019
QY 1019 TATAGTGTAGTTCATCGAATATCATCTATATTTCCGCTTAATATTTTATTTTAA 1078
Db 1020 TATAGTGTAGTTCATCGAATATCATCTATATTTCCGCTTAATATTTTATTTTAA 1079
QY 1079 TAAATTTTAAAAATTAATTTTATTTTTCATTACTTGTATGATGATTAATTTTAA 1138
Db 1080 TAAATTTTAAAAATTAATTTTATTTTTCATTACTTGTATGATGATTAATTTTAA 1139
QY 1139 AATTACCAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1198
Db 1140 AATTACCAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1199
QY 1199 AATTATCAAAATTAATTTTAAATTTTAAATCATATATTAAGAAATTCGAAATTAAGAG 1258
Db 1200 AATTATCAAAATTAATTTTAAATTTTAAATCATATATTAAGAAATTCGAAATTAAGAG 1259
QY 1259 ACGGAGAGAGCAAGCCGAGCAAAATGTCGAAAGAACTCTTGTCTAATATCTCTCA 1318
Db 1260 ACGGAGAGAGCAAGCCGAGCAAAATGTCGAAAGAACTCTTGTCTAATATCTCTCA 1319
QY 1319 TCCTAACTATATATATATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1378
Db 1320 TCCTAACTATATATATATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1379
QY 1379 TCCTAACTATATATATATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1438
Db 1380 TCCTAACTATATATATATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1439
QY 1439 AATTAGCAAGTTTAAAAACCATATCATATATATATATATATATATATATATATAT 1498
Db 1440 AATTAGCAAGTTTAAAAACCATATCATATATATATATATATATATATATATATAT 1499
QY 1499 TATTCCTCTCTATATATATTTTGTCTATCAATTTCAACTGTAGAGCAATGTAT 1558
Db 1500 TATTCCTCTCTATATATATTTTGTCTATCAATTTCAACTGTAGAGCAATGTAT 1559
QY 1559 TGAATCAATTTATTCAAACAGTTATGATATATTTCTGGAACAGATTTTCTCATTA 1618
Db 1560 TGAATCAATTTATTCAAACAGTTATGATATATTTCTGGAACAGATTTTCTCATTA 1619
QY 1619 TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAACAAAATATGGAACCAATATATATGACAA 1678
Db 1620 TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAACAAAATATGGAACCAATATATATGACAA 1679
QY 1679 GGTGTATAAAAATGGGATTAAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1738
Db 1680 GGTGTATAAAAATGGGATTAAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1739
QY 1739 AAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1798
Db 1740 AAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1799
QY 1799 TGATAGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1858

```

```

Db 1800 TGATAGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1859
QY 1859 TTAATTTCTCGTTTATGTA -TTAAGTGAAAAATGAGTTTCTGTTAAGCGAGAAAAG 1916
Db 1860 TTAATTTCTCGTTTATGTAATTAAGTGAAAAATGAGTTTCTGTTAAGCGAGAAAAG 1919
QY 1917 CTATTTTCATAGTATATATTTTCTTTTAAATTAAGTCAATATATTTTCTAT 1976
Db 1920 TCATTTTCATAGG -AAGTATATTTTCTTTTAAATTAAGTCAATATATTTCTAT 1978
QY 1977 ACTCAAGATATAGACACTTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2036
Db 1979 ACTCAAGATATAGACAC -TATATATATG -TTAAGTCTGAAAAAATATATATAT 2036
QY 2037 TTGCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2096
Db 2037 TTGCT -TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2095
QY 2097 TAAATCAATATAGTGGCTCTAGAAATTAAGATTAAGTCTATTTCAATTTCTAT 2156
Db 2096 TAAATCAATATAGTGGCTCTAGAAATTAAGATTAAGTCTATTT -AATTTTAACTTAT 2154
QY 2157 TAAATTTTATAGGAAACCTGACAAA 2182
Db 2155 TAAATTTTA -TGAAACCTGACAAA 2179

RESULT 3
AAZ35696
AAZ35696 standard; DNA; 2207 BP.
XX
AC AAZ35696;
XX
DT 31-JUN-2000 (first entry)
XX
DE Polyalacturonase genomic clone.
XX
KW Brassica; regulation; development; identification; screening;
KW light promoter; seed promoter; fruit promoter; regulatory region; napin;
KW soybean; rapeseed; cotton; safflower; sunflower; expression; phenotype;
KW modification; ds.
XX
OS Synthetic.
XX
PN US5981839-A.
XX
PD 09-NOV-1999.
XX
PF 07-MAR-1997; 97US-00812665.
XX
PR 17-JAN-1985; 85US-00692605.
PR 31-JUL-1986; 86US-00891529.
PR 26-MAY-1987; 87US-00054369.
PR 28-JUL-1987; 87US-00078538.
PR 25-JUN-1988; 88US-00147781.
PR 15-MAR-1988; 88US-00168190.
PR 29-APR-1988; 88US-00188361.
PR 02-NOV-1988; 88US-00267865.
PR 21-MAY-1990; 90US-00526123.
PR 09-JUL-1990; 90US-00550804.
PR 14-SEP-1990; 90US-00582241.
PR 08-AUG-1991; 91US-00742834.
PR 10-AUG-1993; 93US-00105852.
PR 07-JUN-1995; 95US-00484941.
XX
PA (CALJ ) CALGENE LLC.
XX
PI Kridl JC, Knauf VC;
XX
WP1; 2000-012275/01.
XX
PT New genetic constructs useful for transforming plants with a DNA sequence

```

PT of interest.

XX Example 9; Fig 8; 65pp; English.

CC The present invention describes genetic constructs (1) for transforming
CC plants with a DNA sequence of interest, comprising a promoter from a
CC napin, E9 or acyl carrier protein gene, a DNA sequence of interest and
CC flanking T-DNA. The constructs can be used for the expression of
CC heterologous genes in plants. They can be used for modifying the
CC phenotype of plants. The DNA sequence of interest may encode an enzyme or
CC may comprise an antisense sequence. The constructs can be used in plants
CC such as soybean, rapeseed, cotton, safflower or sunflower. The present
CC sequence represents the polygalacturonase genomic clone

SO Sequence 2207 BP; 870 A; 282 C; 270 G; 784 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 27.1%; Score 2023.6; DB 3; Length 2207;
Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 2,2e-245;
Matches 2149; Conservative 1; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

```
QY 1 AACGCTTTAAAAAGGCAATGTAATTGAAGTCAAAATTAATTATATACATGG 60
DB 1 AACGCTTTAAAAAGGCAATGTAATTGAAGTCAAAATTAATTATATACAGTGG 60
QY 61 TAAAGCAGCTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATATTAACAAT 120
DB 61 TAAAGCAGCTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATATTAACAAT 120
QY 121 TGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 180
DB 121 TGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 180
QY 181 ATGGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 240
DB 181 ATGGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 240
QY 241 TGAATTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 300
DB 241 TGAATTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 300
QY 301 AAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 360
DB 301 AAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 360
QY 361 ACCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 420
DB 361 ACCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 420
QY 421 AAACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 480
DB 421 AAACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 480
QY 481 GGTGAGCCGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 540
DB 481 GGTGAGCCGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 540
QY 541 AATTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 599
DB 541 AATTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 599
QY 600 AATAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 659
DB 600 AATAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 659
QY 660 AAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 718
DB 660 AAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 718
QY 719 TAGGTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 778
DB 719 TAGGTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 778
QY 779 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 838
```

```
DB 781 AATTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 839
QY 839 AAACCGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 898
DB 840 AAACCGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 899
QY 899 CCAATAGGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 958
DB 900 CCAATAGGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 959
QY 959 GATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1018
DB 960 GATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1019
QY 1019 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1078
DB 1020 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1079
QY 1079 TAAATTTTAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1138
DB 1080 TAAATTTTAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1139
QY 1139 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1198
DB 1140 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1199
QY 1199 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1258
DB 1200 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1259
QY 1259 ACGGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1318
DB 1260 ACGGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1319
QY 1319 TCCAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1378
DB 1320 TCCAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1379
QY 1379 TCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1438
DB 1380 TCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1439
QY 1439 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1498
DB 1440 AATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1499
QY 1499 TATTTCTCTCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1558
DB 1500 TATTTCTCTCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1559
QY 1559 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1618
DB 1560 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1619
QY 1619 TTTTCAAGCTTATCTTCTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1678
DB 1620 TTTTCAAGCTTATCTTCTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1679
QY 1679 GGTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1738
DB 1680 GGTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1739
QY 1739 AAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1798
DB 1740 AAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1799
QY 1799 TGAATAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1858
DB 1800 TGAATAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1859
QY 1859 TTAATTTCTCTCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1916
```

Db 1860 TTAATTTCTCGTTTTAGTAATTAAGTGAAAGTCTTCTGTAAGCAGAGAAAG 1919
Qy 1917 CTATTTTCATGAGTACTGATTTTCTTTTAACTTAAACGTCATAGTATTGCTAT 1976
Db 1920 TCATTTTTCATGAGTACTGATTTTCTTTTAACTTAAACGTCATAGTATTGCTAT 1978
Qy 1977 ACTCAAGAAATAGACACTTATTTATGATTTAGTCTCGAAAGAAATGATAGTAT 2036
Db 1979 ACTCAAGAAATAGACAC-TATATATGATG-TTATGCTCGAAAGAAATGATAGTAT 2036
Qy 2037 TTTGCTTAATTAATCAATTTCTTATGCTATTTTTCACCAAAATTAACAAAGCG 2096
Db 2037 TTTGCTTAATTAATCAATTTCTTATGCTATTTTTCACCAAAATTAACAAAGCG 2095
Qy 2097 TAAATCAATTAAGTGGGCTCTAGATAAGTAAGTCTTATTCATTTCTTAACCTTAT 2156
Db 2096 TAAATCAATTAAGTGGGCTCTAGATAAGTAAGTCTTATTT-ATTTCTTAACCTTAT 2154
Qy 2157 TAAATTTTGTGGAACCTTCGCAAAA 2182
Db 2155 TAAATTTTA-TGGAAACCTCGCAAAA 2179

RESULT 4

AAH47384 ID AAH47384 standard; DNA; 2207 BP.

AAH47384; AC

30-NOV-2001 (first entry) DT

Nucleotide sequence of polygalacturonase (PG) genomic clone. DE

NadIn gene; promoter; Brassica; phenotype; transcription; EA9; 2A11; KM polygalacturonase; ds.

Unidentified. OS

US6281410-B1. PN

28-AUG-2001. PD

15-JAN-1999; 99US-00232861. PF

31-JUL-1986; 86US-00891529. PR

26-MAY-1987; 87US-00054369. PR

28-JUL-1987; 87US-00078538. PR

25-JAN-1988; 88US-00147781. PR

15-MAR-1988; 88US-00168190. PR

29-APR-1988; 88US-00188361. PR

02-NOV-1988; 88US-00267685. PR

21-MAY-1990; 90US-00526123. PR

09-JUL-1990; 90US-00550804. PR

10-AUG-1993; 93US-00105852. PR

07-JUN-1995; 95US-00484941. PR

07-MAR-1997; 97US-00812665. PR

(CALJ) CALGENE LLC. PA

Knauf VC, Kridl JC; PI

WPI; 2001-564354/63. DR

Obtaining a plant that produces a seed with a modified phenotype or

altering a seed phenotype, comprises transforming a plant cell with a DNA

construct consisting of operably linked components in the direction of

transcription. PT

Example 14; Fig 8A-C; 68pp; English. PS

The invention provides a method for obtaining a plant which produces at

least one seed having a modified phenotype. The method involves CC

transforming a host plant cell with a DNA construct which consists of CC

CC operably linked components in the direction of transcription, a promoter
CC region from a Brassica plant gene, a DNA sequence of interest other than
CC the native coding sequence, and a transcription termination region. The
CC method is useful for obtaining plants having modified phenotype or for
CC altering the phenotype of a plant seed or tissue. The DNA constructs are
CC used in manipulating plant cells to provide for regulated transcription,
CC such as light inducible transcription, in a plant tissue or plant part of
CC interest at particular stages of plant growth or in response to external
CC control. These constructs are also used for modulation of expression of
CC endogenous products as well as production of exogenous products in the
CC polygalacturonase (PG) genomic clone
CC

SQ Sequence 2207 BP; 870 A; 282 C; 270 G; 784 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 27.1%; Score 2023.6; DB 4; Length 2207;
Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 2, 2e-245;
Matches 2149; Conservative 1; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

Qy 1 AACCTCTTAAAGGCAATGATTAATTTGAAGCAAAATTAATTAATTAACATG 60
Db 1 AACCTCTTAAAGGCAATGATTAATTTGAAGCAAAATTAATTAATTAACATG 60
Qy 61 TAAAGCACTTAAAGAAACCATAGTTGAAAGGTTACCAATGGCTATATTAATCACT 120
Db 61 TAAAGCACTTAAAGAAACCATAGTTGAAAGGTTACCAATGGCTATATTAATCACT 120
Qy 121 TGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Db 121 TGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Qy 181 ATGTGCAAAACCTACCATCGTCGCACTTATGACCTGCAAAATTAATTAATTAAT 240
Db 181 ATGTGCAAAACCTACCATCGTCGCACTTATGACCTGCAAAATTAATTAATTAAT 240
Qy 241 TGAGTTAAATTTGACTACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 300
Db 241 TGAGTTAAATTTGACTACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 300
Qy 301 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
Db 301 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
Qy 361 ACCAATCACTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 420
Db 361 ACCAATCACTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 420
Qy 421 AAACCTCTTAAAGCAAGCAATTTGAGTCCGATGCAAGCAATTAATTTA 480
Db 421 AAACCTCTTAAAGCAAGCAATTTGAGTCCGATGCAAGCAATTAATTTA 480
Qy 481 GGTGAGCGCGATTTTGAAGGACACTTTCAATAGTATTTTTCAGAGTGAATTTGA 540
Db 481 GGTGAGCGCGATTTTGAAGGACACTTTCAATAGTATTTTTCAGAGTGAATTTGA 540
Qy 541 AATTAAAGATTAAAGTAAAGAGTAGTACA-CCGGAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
Db 541 AATTAAAGATTAAAGTAAAGAGTAGTACA-CCGGAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
Qy 600 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 659
Db 600 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 659
Qy 660 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 718
Db 661 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 720
Qy 719 TAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 778
Db 721 TAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 780
Qy 779 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 838
Db 779 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 838

Db 781 AATTATACAAATATTGAGCCATGATTTTAAAAATATTAAT-AGTTGAAATTTA 839
 Qy 839 AAACCGTTAGATAAGTCAATTTTGAAACCAAAAGGATGAGAGGATTTTGAAG 898
 Db 840 AAACCGTTAGATAAGTCAATTTTGAAACCAAAAGGATGAGAGGATTTTGAAG 899
 Qy 899 CCAATAGGGGATGAGAGGATTTTGAAGCCAAATATGATGATGAGATGAGATTTT 958
 Db 900 CCAATAGGGGATGAGAGGATTTTGAAGCCAAATATGATGATGAGATGAGATTTT 959
 Qy 959 GATATCTTTCTAATCTTTAAAGATTTTATGATCTTTCCCTCTTTAGTTATAGAC 1018
 Db 960 GATATCTTTCTAATCTTTAAAGATTTTATGATCTTTCCCTCTTTAGTTATAGAC 1019
 Qy 1019 TATAGTGTAGTGAATATCATCTATTTCCGCTTAATTTATTTTATTTA 1078
 Db 1020 TATAGTGTAGTGAATATCATCTATTTCCGCTTAATTTATTTTATTTA 1079
 Qy 1079 TAAATTTTAAAAATTAATTTTTCATTTTACCTTTGATTTGATTTTAAAA 1138
 Db 1080 TAAATTTTAAAAATTAATTTTTCATTTTACCTTTGATTTGATTTTAAAA 1139
 Qy 1139 AATTACCAATATTAATTAATTTTAAATTTTAAACAAAGATTGATCAATATTTT 1198
 Db 1140 AATTACCAATATTAATTAATTTTAAATTTTAAACAAAGATTGATCAATATTTT 1199
 Qy 1199 AATTATTCAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1258
 Db 1200 AATTATTCAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1259
 Qy 1259 ACGGGAAGAGCAAGCCAGCAAAATATGTCAGAAATCTTTTGGTAAATATCTCTCA 1318
 Db 1260 ACGGGAAGAGCAAGCCAGCAAAATATGTCAGAAATCTTTTGGTAAATATCTCTCA 1319
 Qy 1319 TCCAACTAATATATATCCCATTAACAATTAACATTTTACCAATCTCAATCCCTTAAA 1378
 Db 1320 TCCAACTAATATATATCCCATTAACAATTAACATTTTACCAATCTCAATCCCTTAAA 1379
 Qy 1379 TCTATTAATGAGCAACCTTCCCATACCTCTTTCATTTAAATTAATTAATTTTTC 1438
 Db 1380 TCTATTAATGAGCAACCTTCCCATACCTCTTTCATTTAAATTAATTAATTTTTC 1439
 Qy 1439 AATTAGCAAGTTTAAAAACCATACATATTAATATATGATTTTCCAAAGAAATAG 1498
 Db 1440 AATTAGCAAGTTTAAAAACCATACATATTAATATATGATTTTCCAAAGAAATAG 1499
 Qy 1499 TATTCCTCTCTCATTAATTTTGGCTTCATCAATTTCAATTTGTAAGCAATGTAT 1558
 Db 1500 TATTCCTCTCTCATTAATTTTGGCTTCATCAATTTCAATTTGTAAGCAATGTAT 1559
 Qy 1559 TGATGACAAATTTATTCAAACAAAGTTTATGATTAATTTCTTGACAAAGATTTGCTATGA 1618
 Db 1560 TGATGACAAATTTATTCAAACAAAGTTTATGATTAATTTCTTGACAAAGATTTGCTATGA 1619
 Qy 1619 TTTTCAAGCTATCTTTCTTATTTGACAAATTAATTTGAAAGCAATATTTTGAACA 1678
 Db 1620 TTTTCAAGCTATCTTTCTTATTTGACAAATTAATTTGAAAGCAATATTTTGAACA 1679
 Qy 1679 GGTGATTAATAATGGAATTAAGTGAATTAATGATTAATGCTTGAAGCTTAAGGCTGATGG 1738
 Db 1680 GGTGATTAATAATGGAATTAAGTGAATTAATGATTAATGCTTGAAGCTTAAGGCTGATGG 1739
 Qy 1739 AAAAACTATGATTAATTTGTAAGTATTTAAATTTTGAATTAATTTTGGGGATGAAAA 1798
 Db 1740 AAAAACTATGATTAATTTGTAAGTATTTAAATTTTGAATTAATTTTGGGGATGAAAA 1799
 Qy 1799 TGATAGAGAAATATAGAAATTTTGAAGAGATGAAAGTATTTTATTAAGATGAAAA 1858
 Db 1800 TGATAGAGAAATATAGAAATTTTGAAGAGATGAAAGTATTTTATTAAGATGAAAA 1859
 Qy 1859 TTAATTTCTGTTTTAGTA--TTAAGGTGAAAAATGAGTTTCTCGTAAGCGAGGAAAAAG 1916
 Db 1860 TTAATTTCTGTTTTAGTAATTAAGGTGAAAAATGAGTTTCTCGTAAGCGAGGAAAAAG 1919

Qy 1917 CTAATTTTCATGTAACGTATTTTATTTTAACTTTTAAATAGTCAATATTTGCTAT 1976
 Db 1920 TCAATTTTCATG-ACGTATTTTATTTTAACTTTTAAATAGTCAATATTTGCTAT 1978
 Qy 1977 ACTCAAGATTAAGCACTTAATTTATGATGATTTAGTCTCGAAAGAAATTTGATTAAT 2036
 Db 1979 ACTCAAGATTAAGCACT-ATTTATGATG-TTTATGCTCGAAAGAAATTTGATTAAT 2036
 Qy 2037 TTTGCTTAATTAATTAATCTTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2096
 Db 2037 TTTGCT-ATAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2095
 Qy 2097 TAAATCCAAATAGGAGGCTCTAGAAATTAAGATTAATTTTAAATTTTAAATTT 2156
 Db 2096 TAAATCCAAATAGGAGGCTCTAGAAATTAAGATTAATTTTAAATTTTAAATTT 2154
 Qy 2157 TAAATTTTATGTAAGCACTCGACAAAA 2182
 Db 2155 TAAATTTTA-TGAAACCTCGACAAAA 2179

RESULT 5
 ADO21594
 ID ADO21594 standard; DNA; 2207 BP.
 AC ADO21594;
 XX
 DT 01-JUL-2004 (first entry)
 XX
 DE Tomato polygalacturonase gene.
 XX
 KW Tomato; polygalacturonase; gene; fruit specific promoter; ds; plant;
 KW transgenic; B49 gene; acyl carrier protein gene; protein storage;
 KW improved nutrient source; enhanced response to light;
 KW dehydration resistance; herbicide resistance; pest resistance; 2A11 gene;
 KW ACP; protease inhibitor.
 XX
 OS Lycopersicon esculentum.
 XX
 PN US2004055038-A1.
 PD 18-MAR-2004.
 XX
 PF 12-FEB-2001; 2001US-00782130.
 XX
 PR 17-JAN-1985; 85US-00692605.
 PR 31-JUL-1986; 86US-00891529.
 PR 26-MAY-1987; 87US-00054369.
 PR 28-JUL-1987; 87US-00078538.
 PR 25-JAN-1988; 88US-00147781.
 PR 15-MAR-1988; 88US-00168190.
 PR 29-APR-1988; 88US-00188361.
 PR 02-NOV-1988; 88US-00267685.
 PR 21-MAY-1990; 90US-00526123.
 PR 09-JUL-1990; 90US-00550804.
 PR 14-SEP-1990; 90US-00582241.
 PR 08-AUG-1991; 91US-00742834.
 PR 10-AUG-1993; 93US-00105852.
 PR 07-JUN-1995; 95US-00484941.
 PR 07-MAR-1997; 97US-00812665.
 PR 15-JAN-1999; 99US-00232861.
 XX
 PA (KNAUF/) KNAUF V C.
 PA (KRID/) KRIDL J C.
 XX
 PI Knauf VC, Kridl JC;
 XX
 DR WPI; 2004-247819/23.
 XX
 PT New DNA construct comprising a promoter region, a DNA sequence of
 PT interest and a transcription termination region, useful for producing
 PT transgenic plants.


```

Db      840  |||||
      840  AAACCGTTAGATAAATGTCATTTTGAACCCAAAGGATGAGAAAGGATTTTAAAG 899
Qy      899  CCAATAGGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCATATGTGTGATGAGAGATTAATTT 958
      900  CCAATAGGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCATATGTGTGATGAGAGATTAATTT 959
Qy      959  GTATCATTTCTAATATCTTTAAAGATATTTTGTGATTTTCCCTCTTGTAGTTATGAC 1018
      960  GTATCATTTCTAATATCTTTAAAGATATTTTGTGATTTTCCCTCTTGTAGTTATGAC 1019
Qy      1019  TATAGTGTAGTCTGATGATATCATCTTATTTTCCGTCTTAAATTAATTTTATTTTA 1078
      1020  TATAGTGTAGTCTGATGATATCATCTTATTTTCCGTCTTAAATTAATTTTATTTTA 1079
Qy      1079  TAAATTTTAAATAATAATATTTTTCATTTTAACTTGAATTTGTAATTAATTTTAA 1138
      1080  TAAATTTTAAATAATAATATTTTTCATTTTAACTTGAATTTGTAATTAATTTTAA 1139
Qy      1139  AATTACCAATATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATTTGATACATATATTTT 1198
      1140  AATTACCAATATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATTTGATACATATATTTT 1199
Qy      1199  AATTATTCAAAATAATTTTAAACATCATTAATAAGAAATACGACAAAAAATGAG 1258
      1200  AATTATTCAAAATAATTTTAAACATCATTAATAAGAAATACGACAAAAAATGAG 1259
Qy      1259  ACGGAGAAAGACAGACGACAAATAATGTCCAGAAATCTTTGTCTAAATATCTCTCA 1318
      1260  ACGGAGAAAGACAGACGACAAATAATGTCCAGAAATCTTTGTCTAAATATCTCTCA 1319
Qy      1319  TCCAACTAATATTAATCCCATTAACATTAACATTAATGACCACTCAAACTCCCTTAAA 1378
      1320  TCCAACTAATATTAATCCCATTAATTAATTAATGACCACTCAAACTCCCTTAAA 1379
Qy      1379  TCTAATAATGACAAACCTTCCCATCTTATCTATCAATAAAAAATTAATATCTTTTC 1438
      1380  TCTAATAATGACAAACCTTCCCATCTTATCTATCAATAAAAAATTAATATCTTTTC 1439
Qy      1439  AATAGACAAATTAATAACATTAACATTAATATCATGATGATTAATCCAAAGAAATG 1498
      1440  AATAGACAAATTAATAACATTAACATTAATATCATGATGATTAATCCAAAGAAATG 1499
Qy      1499  TATTTCTCTCTCATTTATTTTGTCTCATGATTAATCAATCTTGTAAGAACATGTAT 1558
      1500  TATTTCTCTCTCATTTATTTTGTCTCATGATTAATCAATCTTGTAAGAACATGTAT 1559
Qy      1559  TGATGACAAATTAATTAACAGTTATGATTAATTTCTGACAGAAATTTGCTCATGA 1618
      1560  TGATGACAAATTAATTAACAGTTATGATTAATTTCTGACAGAAATTTGCTCATGA 1619
Qy      1619  TTTTCAAGCTTATCTTTTATTTTATTTGACCAAAATATTTGAAAGCAATTAATTGACAA 1678
      1620  TTTTCAAGCTTATCTTTTATTTTATTTGACCAAAATATTTGAAAGCAATTAATTGACAA 1679
Qy      1679  GATTGATAAAAAAGGATTAAGTGAATTAATGATTAATTTGAGCTTGAAGCTTAAGGCTATG 1738
      1680  GATTGATAAAAAAGGATTAAGTGAATTAATGATTAATTTGAGCTTGAAGCTTAAGGCTATG 1739
Qy      1739  AAAACATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1798
      1740  AAAACATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1799
Qy      1799  TGATAGAGATTAATTAATTAATTTTGAAGATGAAGAAAGTTATTTTAAAGTGAAGAA 1858
      1800  TGATAGAGATTAATTAATTAATTTTGAAGATGAAGAAAGTTATTTTAAAGTGAAGAA 1859
Qy      1859  TATATTTTCGTTTTAGTA--TTAAGTGAAGAAAGTTTCCTGTTAAGCAGAGAAAG 1916
      1860  TATATTTTCGTTTTAGTA--TTAAGTGAAGAAAGTTTCCTGTTAAGCAGAGAAAG 1919
Qy      1919  CTATTTTCATGATGATGATTTTATTTTCTTAAATTAAGTCAATGATTTTGTCTAT 1976

```

```

Db      1920  TCATTTTCATGCG-AACTGATTTTCTTTTCTTTAATTAACGTCAATGATTTGCTAT 1978
Qy      1977  ACTCAAGATTAAGACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2036
      1979  ACTCAAGATTAAGACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2036
Qy      2037  TTTGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2096
      2037  TTTGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2095
Qy      2097  TAAATCAATTAAGTGGCTCTGATTAATTAAGATTAAGATTAATTAATTAATTAATTA 2156
      2096  TAAATCAATTAAGTGGCTCTGATTAATTAAGATTAAGATTAATTAATTAATTAATTA 2154
Qy      2157  TAAATTTAGTGAACCTTGACAAA 2182
      2155  TAAATTTTA-TGGAACCTTGACAAA 2179
Db      2155  TAAATTTTA-TGGAACCTTGACAAA 2179

RESULT 7
AAQ38415
ID  AAQ38415 standard; DNA; 1636 BP.
XX
AC  AAQ38415;
XX
DT  27-AUG-2003 (revised)
DT  25-MAR-2003 (revised)
DT  05-JUL-1993 (first entry)
XX
DE  Polygalacturonase cDNA clone pTOM6.
XX
KW  polygalacturonase; PG; pectin esterase; PE; expression regulation;
KM  fruit softening enzymes; flowering plants; fruiting plants;
KW  antisense RNA.
XX
OS  Lycopersicon esculentum.
XX
FH  Key Location/Qualifiers
FT  CDS 51..1422
FT  /*tag= a
FT  /label= polygalacturonase (PG)
XX
PN  EP532060-A1.
XX
PD  17-MAR-1993.
XX
PF  06-NOV-1987; 92BP-00117411.
XX
PR  11-NOV-1986; 86GB-00026879.
XX
PA  (ICIL ) IMPERIAL CHEM IND PLC.
PA  (ZENB ) ZENECA LTD.
XX
PI  Bridges IG, Grierson D, Schuch W;
XX
DR  WPI; 1993-087084/11.
DR  P-PsDB; AAR32107.
XX
PT  Recombinant DNA for flowering and fruiting plants e.g. tomatoes ripening
PT  control - comprises base sequence for transcription conty. inverted
PT  sequence of bases complementary to bases in anti sense ribonucleic acid
PT  encoding softening enzymes, or gene expression regulation.
XX
PS  Example 12; Fig 1; 20pp; English.
XX
CC  This is the sequence of clone pTOM6 which contains the coding sequence of
CC  polygalacturonase (PG). It was used to isolate the PG promoter in the
CC  construction of a vector encoding antisense RNA to the PG cDNA and PG
CC  gene. This would be useful to regulate the expression of the fruit
CC  softening enzymes in flowering and fruiting plants. Such antisense RNA
CC  would delay fruit softening. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PN
CC  field.) (Updated on 25-MAR-2003 to correct PF field.) (Updated on 25-MAR-
CC  2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)

```

XX Sequence 1636 BP; 598 A; 232 C; 290 G; 516 T; 0 U; 0 Other;
 SQ Query Match 6.2%; Score 462; DB 4; Length 1636;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.1e-49;
 Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAGTAAATGTGTGTATGAGTAATCAAGGCGACAAGTGCA 6844
 DB 1161 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAGTAAATGTGTGTATGAGTAATCAAGGCGACAAGTGCA 1220
 QY 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
 DB 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAAGAAATTATATG 1280
 QY 6505 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGGCTAGCTGCAAAAATGTC 6964
 DB 1281 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGGCTAGCTGCAAAAATGTC 1340
 QY 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
 DB 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 1400
 QY 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7084
 DB 1401 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1460
 QY 7085 TATATCAATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7144
 DB 1461 TATATCAATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1520
 QY 7145 TTGAAGTTTAAATAGACTATGATATTTCTATTTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 7204
 DB 1521 TTGAAGTTTAAATAGACTATGATATTTCTATTTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 1580
 QY 7205 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7246
 DB 1581 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1622

RESULT 8
 AAC84653
 ID AAC84653 standard; cDNA; 1636 BP.
 XX AAC84653;
 AC
 XX 20-APR-2001 (first entry)
 DT
 DE cDNA sequence of pTOM6 encoding a polygalacturonase (PG) enzyme.
 XX
 KM Pectin; pectin methyltransferase; PME; polygalacturonase; PG; tomato;
 KM food product; yogurt; milk; fruit juice; whey drink; de-esterification;
 KM pTOM6; ss.
 XX
 OS Lycopersicon esculentum.
 XX
 FM Key Location/Qualifiers
 FT CDS 51..1424
 FT /*tag= a
 FT /product= "PG enzyme"
 PN MO200078982-A1.
 XX
 PD 28-DEC-2000.
 XX
 PP 15-JUN-2000; 2000WO-1B000869.
 XX
 PR 17-JUN-1999; 99GB-00014209.
 XX
 PA (DANIT-) DANISCO AS.
 XX
 PI Christensen TMIR, Kreiberg JD;
 XX

DR WPI; 2001-091573/10.
 DR P-PSDB; AAB48338.
 XX
 PT Modifying pectin, for foodstuffs preparation, involves transforming host
 PT having pectin methyltransferase (PME) and polygalacturonase (PG) activity by
 PT silencing PG activity, to increase PME to PG ratio.
 PS
 PS Claim 6; Fig 1; 78pp; English.
 XX
 CC The invention provides a new method for modifying pectin that involves
 CC providing a host having pectin methyltransferase (PME) activity and
 CC polygalacturonase (PG) activity, transforming the host by silencing PG
 CC activity to provide an increased PME to PG ratio, preparing a PME extract
 CC from the transformed host, and using the PME extract to modify pectin. A
 CC PME modified pectin is useful for foodstuffs preparation, and to impart
 CC an increased functionality to food products such as yogurt, milk/fruit
 CC juice and whey drinks. PME is useful to reduce the number of ester groups
 CC in a pectin in a block-wise manner, and to de-esterify two or more
 CC adjacent galacturonic acid residue of a pectin on at least substantially
 CC all of the pectin chains. The present sequence represents the cDNA
 CC sequence of pTOM6 encoding a PG enzyme. A nucleotide sequence (seq Id No.
 CC 3) encoding the PG enzyme which is deposited as pTOM23 with NCIMB
 CC (Accession number 12373) is also claimed. The sequence for seq Id No. 3
 CC is not provided in the specification
 XX
 SQ Sequence 1636 BP; 598 A; 232 C; 290 G; 516 T; 0 U; 0 Other;
 Query Match 6.2%; Score 462; DB 4; Length 1636;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.1e-49;
 Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAGTAAATGTGTGTATGAGTAATCAAGGCGACAAGTGCA 6844
 DB 1161 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAGTAAATGTGTGTATGAGTAATCAAGGCGACAAGTGCA 1220
 QY 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
 DB 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAAGAAATTATATG 1280
 QY 6505 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGGCTAGCTGCAAAAATGTC 6964
 DB 1281 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGGCTAGCTGCAAAAATGTC 1340
 QY 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
 DB 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 1400
 QY 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7084
 DB 1401 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1460
 QY 7085 TATATCAATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7144
 DB 1461 TATATCAATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1520
 QY 7145 TTGAAGTTTAAATAGACTATGATATTTCTATTTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 7204
 DB 1521 TTGAAGTTTAAATAGACTATGATATTTCTATTTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 1580
 QY 7205 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7246
 DB 1581 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1622

RESULT 9
 AAN91112
 ID AAN91112 standard; DNA; 1624 BP.
 XX AAN91112;
 AC
 XX 25-MAR-2003 (revised)
 DT 21-JUN-1990 (first entry)
 XX

D6	1401	GAAAGCTCTTTGGTATTAATATTAAATTTACTATGACCTTCMAATATATACAGATTAGA	1460
OY	7085	TATATCAACAATAAACAATCTATATCTATGTATTGAATAATATATATATATGACCGA	7144
D6	1461	TATATCAACAATAAACAATCTATATCTATGTATTGAATAATATATATATGACCGA	1520
OY	7145	TTGAAGTTTTATATAGACTACTATGTATTTCTATTTCTAGTCAAAG-TTGACGATTG	7203
D6	1521	TTGAAGTTTTATATAGACTACTATGTATTTCTATTTCTAGTCAAAGTTTGACGATTG	1580
OY	7204	TACTTTTAAATGTACAAAATPATATAATGCTTATTATATGA	7246
D6	1581	TACTTTTAAATGTACAAAATPATATAATGCTTATTATATGA	1623
 RESULT 11 ABZ10246			
ID	ABZ10246	standard; DNA; 8056 BP.	
XX	XX	ABZ10246;	
XX	XX	16-JAN-2003 (first entry)	
DE	DE	Haematopoietic cell proliferation disorder related DNA sequence #386.	
KW	KW	Human; haematopoietic cell proliferation disorder; cytostratic; gene therapy; lymphocytic leukaemia; acute myelogenous leukaemia; cytosine methylation state; gene; ds.	
OS	OS	Homo sapiens.	
PN	PN	MO200277272-A2.	
PD	PD	03-OCT-2002.	
PP	PP	26-MAR-2002; 2002WO-BP003401.	
PR	PR	26-MAR-2001; 2001US-0278333P.	
PA	PA	(EPFG-) EPIGENOMICS AG.	
P1	P1	Berlin K, Braun A, Dastler J, Guetig D, Howe A, Mueller J; Olek A, Piepenbrock C, Adorjan P, Grabs G, Lesche R, Leu B; Lewin A, Lipscher E, Maier S, Model F, Mueller V, Otto T, Pelet C; Schwope I, Ziebarth H;	
DR	DR	WPI; 2003-018942/01.	
PT	PT	Detecting and differentiating between hematopoietic cell proliferative disorders, comprises contacting a target nucleic acid with a reagent that distinguishes between methylated and non-methylated CpG dinucleotides.	
XX	XX	Claim 28; SEQ ID NO 386; 117pp; English.	
CC	CC	The present invention describes a method for detecting and differentiating between haematopoietic cell proliferative disorders associated with at least 1 gene and/or their regulatory regions in a subject. The method comprises contacting a target nucleic acid in a biological sample obtained from the subject with at least 1 reagent, which distinguishes between methylated and non-methylated CpG dinucleotides within the target nucleic acid. ABZ09861 to ABZ11118 represent specifically claimed nucleotide sequences from the present invention. Oligonucleotides from the present invention can be used: for differentiating between healthy haematopoietic cells and proliferative disorder haematopoietic cells; for differentiating between acute lymphocytic leukaemia and acute myelogenous leukaemia; as probes for determining the cytosine methylation state and/or single nucleotide polymorphisms (SNPs) of haematopoietic cell proliferation disorder related sequences and their complements; and as primers for the amplification of haematopoietic cell proliferation disorder related DNA sequences. The nucleotide sequences from the present invention can also be used for detecting a predisposition to, differentiation between	

	CC	subclases, diagnosis, prognosis, treatment and/or monitoring of
	CC	haematopoietic cell proliferative disorders. The present method enables a
	CC	highly specific classification of haematopoietic cell proliferative
	CC	disorders allowing for improved and informed treatment of patients
	xx	
SQ	Sequence	8056 BP; 3711 A; 0 C; 371 G; 3974 T; 0 U; 0 Other;
Query Match	4.5%; Score 331.8; DB 8; Length 8056;	
Best Local Similarity	44.2%; Pred. No. 4.2e-33;	
Matches 3283;	Conservative 0; Mismatches 3952; Indels 200; Gaps 38;	
QY	105	TATATATTAACTGATCATATATAAAAAAATTTCAATTCGAAGGGCCTAAATAT 164
DB	166	TATTTTTTATATTTTTTTTATATATTAATTTATATATATTTTAAAATA 225
QY	165	TCTCAAGATATCGAAATGTGACAAAATCACATCCGCACATATGACTCCAAAATTA 224
DB	226	TTTAAATTTTAAAAATTTAAAAATTTTAAATTTTAAATTTTATATBAAAAA 285
QY	225	AATATATATCCACCCTTGAGTTTAAAAATGACATATATATACAATTTAAATTTAAC 284
DB	286	AATTTTATTTTTTTTAAAAATTAATTTTAAAAAATATATATATATATATATAT 345
QY	285	TATTTTATACCTTTAAAAATACATGCGCTCAAATATTTATATATTTATTTAAGA 344
DB	346	AATATATATTTAAAAAATATGMAATTAATATTTATATTTTAAATTTTAAATTTTA 405
QY	345	TATCATTTATTAACCAACCACTCAACTATATCATATTAATCCACCCAATTTCTA 404
DB	406	ATATATATATTTATATATTTATTTTATTTTAAAAATATBAAAAAATTTAATTTTAA 465
QY	405	CTATCAAAATTTGCTCTAAACACTATCAAAACMAGCAAAATTTGTGAGTCCGANTGAA 464
DB	466	AAAAATTAATATTTTAAATTAABAAAAATTTAAATATTTATATATTTTAAATTAAT 525
QY	465	GCACCAATCTAATTTAGGTGAGCCGCAATTTTAGAGAGACATTTCAATATGATTTT 524
DB	526	TATATATTTAAATTTAAATTTTAT--ATATATTTTAAATGTTTTATTTAAATTTATTT 582
QY	525	TCAAGCATGATTTTGAATTTTACGTTTAAATGTAAGAAGATGACCCGAATTAATTC 584
DB	583	ATATTTATTAATTAATTTATTAABAAAAATATTAATATATTTTAAATTTTAAAAATA 642
QY	585	ATGCCCTTTTAAATATATATATTAATTAATTTATNGATTTGTTTTTAAATATTAACCTG 644
DB	643	ATTTTAAATATTAATTTATTAABAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 702
QY	645	AATATATTTATTTTAAAAAAATTAATCTATTAAGTACATCAATTAATTGAGACAGAGAT 704
DB	703	TATATTTAAATTTAATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAAT 762
QY	705	AATTAAGTGAACATAGTGTTAATTAATGATATGATGGTGTAGTAATTTATTAATTT 764
DB	763	TTAATTTAAATTTAATTAATTAATTTAATTAATTAATTTAATTAATTAATTAATTA 822
QY	765	ATATCAATTAAGTAAATATTAACAATATTTGAGCGCATGTATT--TTAAAAATATTA 822
DB	823	TTTAAATATTTTATTAABAAAAATTTGTTTTTTTATTTTATTTTATATATTAATTA 882
QY	823	AATTAAGTTGAATTTAAAAACCGTTAGATTAATTTGTCATTTTGAACCCAAAGTGATGA 882
DB	883	TGTAATATTTAAATTTATATTTTAAATTAATTTTGTGTTTTGTAAATTAATTTTTTTTA 942
QY	883	GAGGATATTTTAAGCCAAATAGGGGGATGGAAGATTTTGAAGCAATATGT---- 938
DB	943	AAAAATTAATTTTATTTTATTTTAAATGAATTAATTAATTAATTTTATTAATTTTAA 1002
QY	939	-GATGATGAGAGATATTTTGTATCATTTCTAATACCTTTAAAGATATTTAGTGATTT 997
DB	1003	ATAATTAATTTTAAAAATTTTATTTATTTTATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTA 1062
QY	998	TCCCTTTAGTTATTAAGTATAGTATAGTTGATTCATGAAATATCATTAATTAATTCGT 1057


```
Dh 1063 AAAAAATTTGGTTTAATTTGGTTTTTTTTTAATGTTTAAATGTTATATTTGTTTT 1122
Qy 1058 CTTAAATATTTTATTTTATTAATAATTTTAAAAATTAATTTTTCATTTACTT 1117
Db 1123 TTAATATTTTTCATTTGATTTGAAAAATTTAAAA-----TAAATATTTTTCAT 1171
Qy 1118 TGAATGTAATTAATTTTAAAAATTAACAACATTAATAAATAATTAATTTTAAACAAGA 1177
Db 1172 TATTAATTAATTAATTTTAAAAATTTTAATATTTTAATTTAATTTTAAATTAATAAT 1231
Qy 1178 ATTGTAACATTAATTTTATTTTATTTCAAAATTAATTTTAAACATCATATAAAG 1237
Db 1232 AATTTTTCGATTTAAAAAAGTTAATGTAATTAATTAAT-----ATAAAAAATG 1284
Qy 1238 AATAACGAAAAAATTTGAGACGGAGAACAGACCAAAATGTCAGAAACT 1297
Db 1285 TAAATATTTTAAAAATTAATAATTAATAAATAATTTATTAATTTTAAATAAAAAT 1344
Qy 1298 CTTTTCGTCAATATCTCTCATCCAACTAATATAATCCCATTAACAATTAATG 1357
Db 1345 AATTTAAATTTTAAATTTTATTTTAAAAATTTATTTTAAATTAATAATGATT 1404
Qy 1358 ACAACATCAAAACCCCTTAAATCTAATAATGACAAACCCCTCCATCCTTATCATTA 1417
Db 1405 TTTTATTTATTTTATTTTATTTTAAAAAATAAATAAATAATTTATTTTATA 1464
Qy 1418 AAA--AAAAATAATCTTTTTCATATAGACAAAGTTTAAAAACATACCATTAACAATAT 1475
Db 1465 AAAAAATATTAATAATTAATTAATTAATAATTAATAATTAATAATTAATAATAT 1524
Qy 1476 ATCATGTTATCCAAAGAAATGATCTCTCTCTCATTAATTTTTCCTTCATCAATT 1535
Db 1525 GTTAAAAAATTTTAAATTAATAATTTTAAAAAA--ATTAATTAATTAATTTAAATAT 1583
Qy 1536 TCAACTGTGACAGCAATGTTATGATGACATTTTCAACAACAGTTTATGATAATAT 1595
Db 1584 TTAATTAATTAATTTAAATTTAAAT--ATTTAAAAAATTTGAAATTAATGTAATAT 1642
Qy 1596 CTTGACAAAGATTTGCTCATGATTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTGACAAAAATAT 1655
Db 1643 AAAAAAATTAATTTAAATTAATGATMAAA--TTTATTTTATTAATAATTAATAAT 1700
Qy 1656 GAAAGCAACATATATTTGACAAAGTGAATAAATGCAATTAAGATTAATGATCTT 1715
Db 1701 TAAATTAATTAATAATTAATTAATTTTAATTTTAAAAAATTAATAATTAATAA 1760
Qy 1716 AGCTTGCAGCTAAGGCTGATGAAAAACATATGATAATTTGMAATTTTAAATATG 1775
Db 1761 AATTTTAAATTTAAAAAATTAATAATTAATGATTAATTTTAATTAATTAATA 1820
Qy 1776 GAATATATTTTGGGGGATGAAANATGATAGAAATTAAGAAATTTTGCAGAGTAAAA 1835
Db 1821 ATAAAAATTTTGTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1877
Qy 1836 GTTAATATTTTAAAGTAGAAAAATTTTCTCGTTTTAGTATTAAGTGAATAATGACT 1895
Db 1878 TTTTATTTTATTTTATTAATTAATAAATTTTAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1937
Qy 1896 TTCTCGTAAAGCAGAAAAAGCTATTTCCATGCTAAGTATTTTCTTACTTTTAA 1955
Db 1938 ATTAATAATTAATAAATAATTAATTTTAAATAAATAATTAATAATTTTAAATTA 1997
Qy 1956 TAACTCATATGATTTGCTATACTCAAGATAAGACATTAATTTTGAAGATTTAGTCT 2015
Db 1998 ATTTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATAATTAATTTTAAATATTTTAAATTTT 2057
Qy 2016 CGAAAAAATTAATGTAATTTTGTAAATATACTATCAATTTCTTAATGATATATTT 2075
Db 2058 AAAAAATTTTATTAATAAATAATTTTAAATTAATTAATAATTAATTTTAAATAT 2117
Qy 2076 TTCAACCAAAATTAACAAGCTAATCCATTAAGTGGGCTCTAGAAATAAGATTAAGTTC 2135
Db 2118 AATTTTAATTAATTTTATTTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAATAT 2173
Qy 2136 TATTCAAATCTTAACCTTATTTAATTTTATAGTGAACAACCTGACAAAAACGACAAACGTA 2195
Db 2174 AATTTATTAATAAATTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 2233
Qy 2196 TTCAACCTTTATATTCGGAATTCGAGACCAACCATATGAAACAACCTCACATGCAATAT 2255
Db 2234 TAATAAAAATTTATTTTAAATTTTAAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATA 2293
Qy 2256 AGTCCTAATATTAATTAATTTTCTAATAAATAATCTCAATCTCAATTTGAAATTTGCA 2315
Db 2294 ATTTATTTTAAATAATTTATTAATTTTGTATTTAAATTAATTTTATTAATTTTAA 2353
Qy 2316 AAAATGACTTTTATCCATGCAACACATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTACACATTA 2375
Db 2354 ATATTAATTTTATTTTAAATAATTAATTAATAATTTATTAATTTTGAATAATTAATA 2413
Qy 2376 CATTTGGTATGTTCTTATCGTTTAAATTAATTTCTTTCAGGCAATTTGACAAACATGGA 2435
Db 2414 AAAAAATTAATTTATTTATTT--TTTAAAAATTAATTTTATTTTATTTTATTAATTTT 2471
Qy 2436 TGAAGCATGTCATCTAGAACACCTGTCATTTGTGTTCCATAAAAACAAGATTTATCT 2495
Db 2472 TTTATTAATTTGTTTAAATA--ATTAATAATTTAATGAAAAATTAATAATTTAAT 2528
Qy 2496 TCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGCAATCTTATTTCAATTAAGCTTAAGCAT 2555
Db 2529 TAAATTAATAAATAATTAATAAATAATTTAAATAATTTTAAATAATTTTAAAAATAA 2588
Qy 2556 ATGATTAATTTATCTCTTGTAGCAATATATTTATCTGGTTTATGACAAATTTAAG 2615
Db 2589 ATAAATGAAAAAATAATTAATAATTAATAATTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATA 2648
Qy 2616 AAAGTATCAAGATGATTAACAATGAATTTGCTCAATTTAGGCGATTAAGTGAAG 2675
Db 2649 TTAAATTTTAAATTTTAAAAATAAATAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2708
Qy 2676 AATTAACAAATGTAATGCTATGACGCAACTGATTAAGATTAAGTCTAGTGAAGAG 2735
Db 2709 TTTTAAATA-----AAATATTTGTTAAATTAATTAATAATA 2749
Qy 2736 TTGATGCTAATCTATTTTATTTTGTAGAGTAAGATTTTGAACAACATGATTT--A 2793
Db 2750 AATAAAAAAATAATTAATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2809
Qy 2794 ATTAATTAATTAATGCTTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2853
Db 2810 ATGTTATTAATAATAATGATGATTTTATTAATAATTAATAATAATTTGAAATTAATTTTA 2869
Qy 2854 AGAAATTAAGAAATAATTTTATTTTAAATAATTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 2913
Db 2870 TGAATAAATAATTTGTGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 2929
Qy 2914 AATTCAAAGCAGAAAGTATTAATTAATCTATGAGGATTAAGAAAGATTAATTAATGTAAG 2973
Db 2930 TTATGAATATGTAATAATTAATGATTAATTTGTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATA 2989
Qy 2974 AAAACAGACATACATATCTAATTAAGTCAATTAATGATTAATAAATAATTAAGTGTAA 3033
Db 2990 AAAATGATATTTTAAATAATGATGATTTTAAATTTTAAATAATTAATAAATAAATAAATA 3049
Qy 3034 GCAACAGTTATCCCTACAAAACTTTTGTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3093
Db 3050 ATAAATGTTAT-----AATGGAATGAATAATTTGAATTAATTTGTTATTTATGTCG 3099
Qy 3094 CTCTGCTTAAAAAATAATTTTCTAATAATGTTTGAAGAATGTTATATGATGAATA 3153
Db 3100 TAAATTAATAAATAATTAATTTTAAATAATGAAATTAATGATGATGAAATAATTTGTTT 3159
Qy 3154 ATATGAGAAAAACATATCAATATTAATAATAATTAATAAGTATCAAAAGTAAACGAAATTAAC 3213
Db 3160 ATATATTAATTTTAAATTAATAATTTTAAATAAATAATTTGTTGTTGAATTTGTAATTA 3219
```



```

Db      5372 ATTGTGAATATGATGATAAAATTGAAATGTTATTTAAAAATTATGAAAAATTGTA 5431
Qy      5385 TCATTAAGCTAATAATTAGAGAAATGCAATATTTGAGGATCAAAAATGTTATTAACCTTAT 5444
Db      5432 TTTAAATGAAATTTTATTTGTTGTAATTTTTTTTTTAAAAATGTTGTAATGTAAT 5491
Qy      5445 TAAATACTATTCATTTTCATTTAAATTAATTAAGTAGTGTTTATATATGTAATA 5504
Db      5492 TTTATTTGTTGATTTTATTTTATTTTATTTGATTTGTTGTTTATTTTATTTTAT 5551
Qy      5505 AAAACAGCAATATTTATGACGAATGCGTT---TTGGTACTATATCTTTCTGCAAT 5560
Db      5552 AAAATATATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5611
Qy      5561 ATTGCTATTTTCTCTTTTATTTTTCATGATTTACTATTTGGAAGCTTGAAGATCT 5620
Db      5612 TTTTATTTGTTTATTTTATTTTATTTTAAAAATTTTATTTTATTTTGAATATAA 5671
Qy      5621 GGAATTCGAAGC-----TTATGTCATATGTAATGTAATTAAGGCAAAAT 5670
Db      5672 AAAAATTAATAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5731
Qy      5671 TATGCTGCGGAAATGAGTTAGATGACAGCTTGCAAG--GTACCTCCCCCCCC 5728
Db      5732 TTTTATTTGTTTAAATTTTGTATATATAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5791
Qy      5729 CCCCCCACAAGCCATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 5788
Db      5792 ATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 5851
Qy      5789 AAGATTATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 5848
Db      5852 AAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5911
Qy      5849 TTTCTATGTTATATAGAAAAAAATGTCAGACTTCAGATTAATGCTATGCTATGCTATG 5908
Db      5912 TTTAAAAATATATATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5971
Qy      5909 TGTAAATGCTGCTGTTTATGAGTTGGTTTATGCAAGTTTGGTCAATGATTAAC 5968
Db      5972 TTTTATTTTATTTTAAATTTTTTTTTTTTTTTTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 6031
Qy      5969 AAATTTAATGAAAAAGGCGTGCACAGCGCGCCACTAGTCTAGTATCAATAG---- 6024
Db      6032 ATAAATGATTTTATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAT 6091
Qy      6025 ---GAAGTCTCAGCTGTTTATTCAGATGACGTTCTGTTGATGATTTAATTAAT 6081
Db      6092 ATGGAATGATTAATGATGTTTATGTTATGTTATGTTATGTTATTAATTAATTAATGTTT 6151
Qy      6082 AAATTTAATTAACATGTAATTAAGCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6141
Db      6152 TGTAAATTAATAAAAAAATGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6211
Qy      6142 GATCTGCAACAGCTACATCAATTTCTGATGTAAGTAATGCAAGCTTAAGTAT 6201
Db      6212 AAAAATATTAATAAATGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6271
Qy      6202 CCATATTAATTAAGCAAAATCTAT-TGTATGAGTTGAACCATGTAACAACAGTAT 6260
Db      6272 TAAAAATTAATAAAAAAATGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6331
Qy      6261 TTTTATTAACGAACATTTATTAATTTTATTAATTTTATTAATTTTATTAATTTTATTA 6320
Db      6332 TATGATATTTAAAAAATGTTTATTAATTAATTTTATTAATTTTATTAATTTTATTAATTT 6387
Qy      6321 AACTTTGAGATCTTTTCACTAGTATGAACTTTTGAATAGATTTTATTAATTTTATTAATTT 6380
Db      6388 ATTAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 6447
Qy      6381 TCATTAATTCCTTTTATTTTCTTAAATTAATTAATTTTATTAATTTTATTAATTTTATTA 6434
Db      6448 AAATTTTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTAATTT 6507

```

```

Qy      6435 -----AAATCTTGTTAAAGTAACGTGAATATCAATAGAAAAAATGTTAGTTAAT 6487
Db      6508 TTTTGTAAATTTTGTATGAAAAATGTTATTAATTTTAAAAATATTTATTTATTTTATTT 6567
Qy      6488 CTAAATTTTATTAATTAATTAATTAAGCTTATCTAATAATTTGTAATGTAAGTAAACA 6547
Db      6568 AAAATTAATTAATAAAAAAATTAATTTTATTTTATTAATTTTATTAATTTTATTTATGTT 6627
Qy      6548 TATACATTAATAACATTTGATTTCAATTTAATTAATCTAATAATTTGATTTCAATCAATCA 6607
Db      6628 TTTATTTATGTTTATTAATGAAATTTTAAATTTTATTAATTAATTTTAAAAAATTA 6687
Qy      6608 TGACTACACAAAGCAATTAATGACAGATTTCTCAACATATATAGTAAGTCAATTTCAAAAG 6667
Db      6668 ATTTTATTAATGTTTATTAATGATTTGATTTATTAATTAATTTTGAATTTGCAATTTAATA 6747
Qy      6668 AATCAATATAGTAGTATATCTTAAAGAGACATTTGGTAAATTAAGTAAAAATCA 6727
Db      6748 AATTAATAATTAATAAGAAAAATATAAAAAAATTAATAATTAATTTGCAATTTGCAATTT 6807
Qy      6728 TTAAGTTATTAATAAAATTTCTAATCTGATCTGCAAGATTTTATTAATCACTTTGTCAG 6787
Db      6808 GATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6867
Qy      6788 TTTTACGACGTTCAAGTAAAAATGCTGTATGAAATATCAAGGCAAGTGCACA 6847
Db      6868 TTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6919
Qy      6848 AAGTGGCCATTAATTTGATTTGCAACAACTTTCCATGTAAGGAATTAATGAG 6907
Db      6920 AATTTTATTTTATTAATTTTATTTT-----TTTATTAATTAATAATAATAATAATAATA 6970
Qy      6908 AATTAATAATTAATTAAGGAAAAATGAAAAACCATCAAGAGCTTACGCAAAATATGTCAT 6967
Db      6971 TATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 7030
Qy      6966 TTTAATGATGCAACATTTTACACACACATGCTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGA 7027
Db      7031 TTTTAAAAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 7090
Qy      7028 GCTCTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7087
Db      7091 TTTATTTATTAATTTTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAT 7150
Qy      7088 ATCAATTAATAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7147
Db      7151 GTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7210
Qy      7148 AAGTTTAAATTAAGCTATGATTTCTAATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGACT 7207
Db      7211 TAAATTTATTAATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 7270
Qy      7208 TTTTAAATGTAACAAATTAATAATGTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7267
Db      7271 TTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 7330
Qy      7268 TCTGTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 7319
Db      7331 TTTTATTTTAAAAATTTTAAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTAAAAAATA 7390
Qy      7320 GATTTGTAATGATTAATTAATTAATTTTCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 7379
Db      7391 ATAAATTTGAAAAAATAATAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 7450
Qy      7380 CGTCTATTAATTTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTT 7434
Db      7451 TGTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAAT 7505

```

RESULT 12
ABZ10246/c
ID ABZ10246 standard; DNA; 8056 BP.

Qy	3392	TTTTCATGTCGTGCAAAATTTAGTTGTTGGAGGAGAGAACTATCAATGCAATGACGA	3451
Db	4417	CATTCAAAATATCAAAAAATTTACAAAAACAATAATTTTAAACAT--TTTAAATTAATTA	4360
Qy	3452	AGTATGGTGGCCAAAGTCTCTGCAGAAATTAATTAATCACTGGTAATTTATATACCTTGCT	3511
Db	4359	TTATTTTAAATTAATTAATTTTCAAAAAAATATCATACAAATTTTAACTAATATTA	4300
Qy	3512	ATTAAGTTTACGCTATGTTGCTCGAATCTTTAACTTGTCTTAAGATTTATATATTT	3571
Db	4299	TTTTCATTTTAAATACAAAAAAATATTTTAAATTTAATTAATTTTAAATATTT	4240
Qy	3572	GAAGAGGTGTCACAAATGCATTCATTTTAGAGATTCGAGCCCAATTTATGTTTATNGT	3631
Db	4239	ATTAATAAAATATTTAAATTTCAATTAATTCATTTATTTTAATCAACAAAAAATAA	4180
Qy	3632	AATCTAATTTTCAGAGCATCTTTGCGC---TTGATCTGATCAATGTTACCTTTTCT	3687
Db	4179	AAATTAATTAATAAAATATTAATTAACAAATATTAATTTAAATTAATAACAAACATTA	4120
Qy	3688	TCATGCAAGCATGCAAGGATGACCAAGGTACGTATTTGCATTTGATTTGATTAATA	3747
Db	4119	AAAAAATAATTAATAAAATTTACAAATATCAACAAATAAATAAATCAATTTAAACGA	4060
Qy	3748	AAAAAGCCTAAATTTATTTGAATTTTATGAAAGGTATATATATCTTAATCTTTGGG	3807
Db	4059	ATTAATAATTAATCATACAAAAAATTTACACAAAAACAATAATTTACATATCATTTTCA	4000
Qy	3808	CAGAGCTATTAACCCCTTGACATTTATATAGTATTTTAAGATATAAAGGTTTGG	3867
Db	3999	TTTAAACATTTTCAATTTTATTTTAAATTAACAT-----AAATTTTAATTTTAAT	3946
Qy	3868	TTGAAACCAAAATTTAGATATTTCAAAAACTATTTGAATAATTAATTAATTTGCATTTT	3927
Db	3945	TTTATTAATTAATTAATTTTATTCATTAATTTTTCACATTTTATTAATAACATTAATTA	3886
Qy	3928	TTGCATATCAATATGATTAATAAAATATTAATTAAGTTCTTAATGATTTGATCTAAAT	3987
Db	3885	TTTCAATTTTATTTTATTCATTACAAATCAATTTTCAATTTTACATTTCAATTTCAAA	3826
Qy	3988	AAAAATCATGACAAACAATAGTACACGAGAAAGTATTAACAATACCTCTTCAAGTGA	4047
Db	3825	AAACAAAAATTCACAAATATTTAAACAATTAATTAATTAATA-----CATTTCAAAATA	3770
Qy	4048	ATCATTTTGTCACACACCTCAAAACCTACGCTTTCTCGATTAATTTCTCATTTCTT	4107
Db	3769	ATTAATAAATTAATTTTAAABAAATTAATAATTAATTTTATTTTATTTTATTAATTAAT	3710
Qy	4108	TTAATAGTATCAAGGCTATTAAGTTCTGTCAAAATCTATACTATGGAACCTATCTTT	4167
Db	3709	TAAATCATTTTAAATAATTAATTTTATTAATAAATAAATAATCAAAATTTATTAACATATTA	3650
Qy	4168	GAGCGCTGTCATTCGATCGTTGAGCAATGATGGAATGATTAATTTAACTTTGTAATTT	4227
Db	3649	CATTAATCAATTAATTTTCAATTAATAAATTTTATTAATTAATAATTAATTTTCAATTAAT	3590
Qy	4228	AAATATTAATACTAATATGTTTAATTTTCAGGCCCTTAACCTTCGATTTGCAAAAT	4287
Db	3589	ATTTCATTTTATATATTTTTCACAACAATAATTTTATCACTTAATTTTATTAATTAAT	3530
Qy	4288	TGAAGTCAATATCTAAGAGTA-----AAATGCACAAATTCAT	4331
Db	3529	TATATATTTCAATTAATCAATTAATTAATTTTATTTATTTATTCACAAAAAATAAATTTT	3470
Qy	4332	ATCAAAATTTGATGTCATGATCAATATGTTAGCTTCAATTTGATGATCAATGCTTCACA	4391
Db	3469	TATTAATATTAATTAATAAACAATAATTAATTTTTCACATTTTAACAATAATTAATTAATA	3410
Qy	4392	AAGAGCCCAATATCTGATGAGAGTCATGATCAAAATCTCAATATATTCAAATATCTGAT	4451
Db	3409	AAATTCAAATTAATTAATTAATTTTCAATTTTATTTTATTAATTCATTTCAATTTTATTA	3350

OY	4452	ACTATTTATGGACAGGTTATTATTATTTAATTTTATTATTCATTTAACTTAATTAAGAANA	4511
Dd	3349	TTTTTTTACATTAACAATAATATTTTTTTTTTCCAAAATAAACACAAATAAACAAA	3290
OY	4512	AAGAGATATTTTAAATTTGAATCTAAATATTAATTTTAAATTTTTTTTAAAGTGAT	4571
Dd	3289	AATTTTTTACATCAATTAATTAABAAATATTAATCAAAATTTATTAABAAAAATATATA	3230
OY	4572	GATTGTATTTCAATTTGTTTTCTGATCTCAAAATGTGCAGGCCAATAATTACTTGTGT	4631
Dd	3229	AATTAATAATTTTATTTCAATTCACAAACAAAATTTTTTATTAABAAATATTAATTTAA	3170
OY	4632	CCAGGTACGTATTAAGGTACTCTATTTTACAAATATATCTGTTCATTTTCTCTATTT	4691
Dd	3169	AATTAATATTAACAAATTTTTCATCATCTATTAATTTCAATTTTAAABAAATTAATTTTT	3110
OY	4692	CATAAAGATAGTAGTATTAATTAATTAATCTTTAAATCCTTTAATTAATTTATGGCAAT	4751
Dd	3109	TATTAATTTACACATTAABAAATBACAAATATTCAAATTTTCACAAATTAATACATTTAT	3050
OY	4752	TTTTTCTGTGCTTTATNGTTATGACTTAGCAAAAT-----AATTAAGGCGTTTG	4804
Dd	3049	TTTATTTTATTAATTAATTTTAABAAATTAACATCATCAATTTAAABATATATCAATTTT	2990
OY	4805	GATGGCGCAATTAABAAGCACTTTAAABAGTCTTTTAAAGTGTGAACCTATATTTTAA	4864
Dd	2989	TCATTAATTTTTTTTTTTTATTTTAAACAATATATTCATTTAATTTTTCATTTCAATTA	2930
OY	4865	AAATPAACAGTTATCGTTTGGATTAABAAGTCAAGTTGTATGTCAAACGTBAABAG	4924
Dd	2929	AATTTTACATTTTTTTTTTTCATTTTCAAAATTTTTTATTTTTTTCACAAAATTTTTTCA	2870
OY	4925	GAATAATGGAAGAAATAGTTAGGGTTATATGGTTATTTGTATTAABAAATATTTAACA	4984
Dd	2869	TAAATATATTTCAAAATTTTAAATATTTTATTAABAAABAAATATCATTTATTAATTAACAAT	2810
OY	4985	CAAAAGATAAAAATGTGTCACTTAABAAACACTTAATAGCTACCTGACCCTACCCAG	5044
Dd	2809	TTTATTAATAACAAAATTCATTTAAATTTATTTAAATTAACAATTAATTAATTTTTTTATTT	2750
OY	5045	CTTTTAATCTTTGGCTTAAATATAGTTTTTTTTTTTAAACTTAABATTAAGTGTTTGA	5104
Dd	2749	TTTTTATATATTTATTTTAAACAAATTTATTTTATTAABAAAAAAATTAATTAATTTAA	2690
OY	5105	GTATTTGCAAAAGCTAAATTAATGCAAAAACACGTTTATTAAGTCAAGTTTGACAGCTTTT	5164
Dd	2689	AAAATTTTAAABAAATTTATTAATTTTAAABATTTTAATTTTAACATTTTTTTTTTAATTTTTT	2630
OY	5165	AAGCTGAGCCAAACAGGCTCTTAATAATGTCTGTAGATGTCTATATATATTTAGAGCTT	5224
Dd	2629	TTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTTTTTTTCAATTAATTTTTTATTTAAATTT	2570
OY	5225	TTTTTGAAGTGT--ATATATCTTBAAGTTCAACATTAATATACATGCTTTAACAATAGC	5281
Dd	2569	TTATTTAAATTTTTTAAATTTTTTAAATTTATTTTAAATTTTAAATTTATTTTTTTTTTAATTT	2510
OY	5282	ACATATAGTTAATCAAAAAGCAAAATGATGAAATTAATTTTGGAAATTTGATATTCACAAG	5341
Dd	2509	TCATTAATATTTTATTAATTTTATTTTAAACA-AAATATTAABAAAAATATATTAATTAABAAATTA	2451
OY	5342	AAAAAGATAGTTCMAAGGTGACATTTTCAATGAAATGAATGAAATATCATTAAGACTTAATTT	5401
Dd	2450	AAAAAATTAATTTTAAABAAATTAATTAATTAATTTTTTTTTTAAATTTTCAABAAATTAATTA	2391
OY	5402	AGAAGAATCAATATTAAGGAGATCAAAAATGTATTAATCTTATTAATAATCTAATTCATTT	5461
Dd	2390	AATTTAATTAATTTTATTTATTAABAAATTAABAAATTAATTAATTTTAAATTTAAATTTTATTT	2331
OY	5462	TTCAATTAATTAATTAAGAGGTTTATTAATCTAATTAABAAATGCAATGAATTAAT	5521
Dd	2330	TAAATTAACAAAATTAATTAATTAATTTTAAABAAATTAATTAATTAABAAATTTTTTTT	2271
OY	5522	TGAAGAAATGTGTTTTTGTGACTATATCTTTCTGAT-----ATTTGCTATTTTTTTT	5576

D	b	2270	TAATTTATTTTAAATATTTAAAAATAAATTTTATTTAAATTTAAATTTTATTTT	2211
Q	y	5577	CTCTTTTATTTTTCATGATCTACTATTGGAAGCTTAGATCTGGAATTCAGAAGCT	5636
D	b	2210	ATTTTTTTTTTCATTTTTTTTTTAAATTTTTTAAATAAATATTAATTTTTTTTTTTATTTT	2151
Q	y	5637	ATGAGCTAATGTTACTGTAAATGAAGCA-----AAATATGCGTCCGAA	5684
D	b	2150	TTATTTTAAATAAAAATTTAAATTTTAAATTTATTAATTAATTTTAAATTTTATTTT	2091
Q	y	5685	ATGAGTTAGATCAAGACTGTGGCAGTACCTCCGCCCCGCCGCCGCCGCCACAGGCC	5744
D	b	2090	ATATATTTTAAAAATTTTTTAATTTAAATTTTTTTTAAAAATTTTAAAAATTTAT	2031
Q	y	5745	ATTTTTTAAATTTTTTTTAAATTTTTTTTCGAATTCATATTTAAAGATTAATTTGATT	5804
D	b	2030	TTTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTT	1971
Q	y	5805	CATGTTTGAATTTTATTTTGAATTAAGATGATTTTACAGCTTCTAATGTTATAG	5864
D	b	1970	TATTTTAAAAATATATTTTTTTTTTTATTTATTTATTAATTTAATTTATTTTTTTTTTATA	1911
Q	y	5865	AAAAAAAATGTTCAAGCTTCAGATTATGATCTGACTAGTGAATGTTGCTT	5924
D	b	1910	AAATTTTTTTTTTTTAAATAAAAAAATTAATAATTAATTAATTTTTTTTTTTTT	1851
Q	y	5925	TGTTTAGAAGTTGGTTATCAGTTTGGGTGATGATTAACCAACT-TATATGAAA	5983
D	b	1850	TTTTTTTTTTTTTTTAAACCAATTTTATTTTATTTAATTTAAATTTAAATTAACATA	1791
Q	y	5984	AGGCGCTGCACGCGCGGCCCATAGTGTGATGATCAATGGAAGATCTCAGCTGTTT	6043
D	b	1790	ATTAATTTTTTAAATTTTTTTTAAATTTTTTTTAAATTTTTTTTAAATTTTAAATTTAA	1731
Q	y	6044	ATTCAGATGAGCTCTGTTGTTGATGTTATATTTTAAATTTAATTAACATGTAATTA	6103
D	b	1730	ATTATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTAAATTTAAATTT	1671
Q	y	6104	AGCATTAATTAATTAATGTTGTTAAATTAATGAGGA--GATCTGGACACCTAGCAA	6161
D	b	1670	TATCATATTAATTAATAATTAATTTTTTTTTTAAATTTTACATTTATTTCAATTTTTTAA	1611
Q	y	6162	CATCAAAATTCGAAATGCGAAATGCAAGAGCTTAAGATCCATATTAATGACCAAA	6221
D	b	1610	AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAAAAA	1551
Q	y	6222	CTATTTGATCGAGTTGACCATGTATTAACAACGTTATTTTTTTTAAACGAACATTTA	6281
D	b	1550	TAAATTTTATTTAA--AAATTTTTTTTAACTATTTATTTTATTTATTAATTAATTTAA	1494
Q	y	6282	TTATATTTTATTAATCTTTAAATCACTTAATCATTAATAAATCTTGAGATCTTTCACT	6341
D	b	1493	TTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTT	1434
Q	y	6342	AGTAGTAACTTTTGA-----TAGATTTTAAAGTAAAGATTCATTA	6386
D	b	1433	AAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1374
Q	y	6387	TTCTTTTATTTTCTTCTAATTTATGATCTTTTGAAGCTATGCTTAAATCTTGTTA	6446
D	b	1373	ATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTT	1314
Q	y	6447	AAGTAAACGTAATCAATAAGAAAAATGTAGATTAATATCTAAATTTTTTATTAATTA	6506
D	b	1313	TATTAATTTATTAATTTTAAAAAATATTCATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1254
Q	y	6507	TTAAGCGTATCTAATATTTTGTATGTAGATTTGAGAAACATATCATTAATTAACATTTGAT	6566
D	b	1253	TTTTTTTTTATTCAAAAAATATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAA	1194
Q	y	6567	TCAATTTAATATATCTAAATATTTGATTCAAATCAATCATGACTACAAAGAAATAC	6626

D	b		1193	ATTTTAAATAAATTAAATAATAACAAAATAATATTAATTTTAAATTTCAAAATGCAAA	1134
O	y		6627	ATCGAGATTCCTCAACATATAGATGAGCATTTTCAAAAACAATCAAAATATAGTAGCTA	6686
D	b		1133	AAAAATATTAAAAAACAAATATATACATTTTAAAAACATTAATAAAAAAAAACAAATTBAAA	1074
O	y		6687	TATCCCTTAAAGAAGACATTTGGGTAAATAGTAAAAATCATTAGATTATAAAAAATT	6746
D	b		1073	CAAAATTTTTTTATTTTATACATATATTAATTTCCAAATTTAAAAAATAATAAAAAATTTTT	1014
O	y		6747	CTAACTGCATCTCTCACGATTTATTTAATATCATTTTGTCAGTTTCGCAAGTCAAGGA	6806
D	b		1013	AAATATATATATTTTAAAAAAATATTAATATATATTTATTTATTCATTAAATAAAAATBA	954
O	y		6807	AAAATGCGTGTATGAGAAATATCAAGGCCACAAGTCAACAAAGTGGCCATMAAATTTTG	6866
D	b		953	AAATTTATTTTAAAAAATAATTTATTTACAAAACACAAAATATATTAATTAATTAATTT	894
O	y		6867	ATTGCGACACAACTTCATGATGGAAGAAATTATATGAGAAATTAATTTAGTAGGG	6926
D	b		893	AAATATATTCACAAATTTTATATCATTAATAAAAAATTAATAAAAAACAATTTTTTAAATPAA	834
O	y		6927	AAAGTGAACAAACCATCAGAGGCTACGTGCAAAATATGTCCATTTTAAACATGCTGAACATG	6986
D	b		833	AAATATTTTAAATTAACAT-----TATATAATTTATTTAAATATATTAATTAATATA	782
O	y		6987	TTACACACACGCGACTTCACTAGAAATTTCAAGGATGAGAGTCAAGCTCTTTGTATTAATATT	7046
D	b		781	ATTTTATATATTTTATTAATTAATTTTAAAAATTAATAATTTATTAATTAATTAATTTT	722
O	y		7047	AATTTATATCTATAGATCTTCAATATATAGCAGATATGATATATCAACAATAACAATCTA	7106
D	b		721	AAATTAATTTTAAATATTAATAAAAAATTTTATATATTAATTTTATTTT	662
O	y		7107	TATCATGATATGGAATTAATTTATTAATATGATCGGATTTGAAGTTTAAATTAAGACTACT	7166
D	b		661	TAAATTTATATTTAAAAATATATTTTAAAAAAT---TTTAAATTTATATATATTTT	606
O	y		7167	ANGATTTCTCATTTCTTACGTCAAAAGTTGACGATTTGACATTTTAAATGACAAAATTA	7226
D	b		605	TTATTAATATTTATTTAATATTAATTAATTTTAAATTAACATTTA---TAATTAATTTAT	550
O	y		7227	TAAATAGGTATTTTAAATATGATATATATCCCTTTGGTATTTCTGTGAACATATATATGT	7286
D	b		549	ATAAATATTTTAATTTTATATATATTAATTTTAAATATTAATTAATTAATTTTAATTTT	490
O	y		7287	CATATTTTAATTAACATATATATCTGTGCAATGTATTTGTTATATGATATCATATATATATC	7346
D	b		489	TTTTATTTTAAATATATTTTATTTTAAAAATTAATTTTATTTTATTTTAAAAAATAA	430
O	y		7347	TTTCATCATTTGATATATATGAATTAATAATTTTATACGTATTAATTTTGTGAATTAATATGA	7406
D	b		429	TAAATATATATTAATTAATAATATATATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTTTATTCAT	370
O	y		7407	GATTTTAGTTTGTGTTTATTTTAAATTT	7434
D	b		369	TTTTTTTTTTTTTAAATTAATTAATTTT	342
<hr/>					
RESULT 13					
AAVZ6084					
ID	AAVZ6084 standard; cDNA; 51952 BP.				
XX	AAVZ6084;				
XX	07-JUN-1999 (first entry)				
DE	Tomato pest resistance Mi gene (copy 1).				
KX	Pest resistance; nematode resistance; disease resistance; Mi gene;				
KW	tomato; transgenic plant; crop protection; biological control; ss.				
XX	Lycopodium esculentum.				
SS					


```

XX Key Location/Qualifiers
FH Promoter 10071..14691
FT /+tag= a
FT /note= "copy 2 promoter; specifically claimed in nucleic
FT acid construct of Claim 9"
FT CDS 16084..19932
FT /+tag= b
FT /note= "M1 gene (copy 2); encodes AAW55975"
FT promoter 42798..44461
FT /+tag= c
FT /note= "copy 1 gene promoter"
FT CDS 45102..48944
FT /+tag= d
FT /note= "M1 gene (copy 1); encodes AAW55974"
XX WO9815171-A1.
XX 16-APR-1998.
XX 09-OCT-1997; 97MO-US018802.
XX 10-OCT-1996; 96US-0028191P.
XX (REGC ) UNIV CALIFORNIA.
XX Williamson VM, Kaloshian I, Yaghoobi J, Bodeau J, Milligan S;
XX WPI; 1998-240529/21.
XX P-PSDB; AAW55974, AAW55975.
XX Nucleic acid encoding M1 polypeptide(s) conferring nematode resistance -
XX useful to produce transgenic plants resistant to these and other pests,
XX and in marker-aided selection to assess cultivars for resistance.
XX Claim 11; Page 24-39; 55pp; English.
XX
XX This is the nucleotide sequence of the tomato M1 locus associated with
XX nematode resistance, obtained from a bacterial artificial chromosome
XX (BAC). M1 was localised by genetic analysis to a region of the tomato
XX genome of about 65 kb. DNA corresponding to this region was cloned into
XX BAC vectors. Sequence analysis of a 52 kb BAC3 insert identified 3 open
XX reading frames, one of which is probably a pseudogene. By RNA blot
XX analysis, transcripts of approximately 4 kb corresponding to copy 1 and
XX copy 2 were found in both resistant and susceptible tomato roots and in
XX leaves of resistant but not susceptible plants. cDNA sequences
XX corresponding to full-length transcripts of copy 1 (see. AAV26082) and
XX copy 2 (see AAV6083) were obtained. The encoded polypeptides (see
XX AAW55974-75) are 91% identical and contain structural features similar to
XX known plant resistance genes (R genes) of the nucleotide binding site/
XX leucine-rich repeat (NBS/LRR) family. A recombinant expression cassette
XX comprising an M1 polynucleotide and an operably linked plant promoter can
XX be used to enhance nematode resistance in plants especially tomatoes
XX (claimed). Transgenic plants can also be constructed using a M1 promoter
XX with heterologous genes; the M1 promoters can be used to express a
XX variety of genes in the same temporal and spatial patterns and at similar
XX levels to resistance genes
XX
XX Sequence 51952 BP; 17728 A; 8444 C; 8647 G; 17111 T; 0 U; 22 Other;
XX
XX Query Match 3.7%; Score 273.4; DB 2; Length 51952;
XX Best Local Similarity 84.0%; Pred. No. 7.7e-26; Indels 21; Gaps 3;
XX Matches 352; Conservative 0; Mismatches 46;

```

```

DB 38797 TTATGCCAAACATGAAGGAAATAATAGAGAAAGATGTAGATATATGGTAAAT 38856
QY 4965 -----TTGTATATAAATATTTAAGCACAAAAAAGATATAAATGTGCTAAATAAACAA 5017
DB 38857 TTGAGATTGTATTAACATATTAAGGAAACACATATAAATGTGTCAACTTAAACAG 38916
QY 5018 CTTATAGCT-----ACCTACCCCTACCCACCTTTAACTTTGCTTAAATAA 5068
DB 38917 CTTATAGCTATAAAAAAAGACACCCCTACCCACCTTTAACTTTGCTTAAATAA 38976
QY 5069 GTTTTTTTTTTAAAACTTAAATAAAGTTGTTAGATTTGCCAAGACTTAATATG 5128
DB 38977 GTTTTTTTT-----AACTTAATAATAGCTATTTTGACATTGGCAACAGTTAAATAGT 39031
QY 5129 CAAAAACAGCTTTTAAAGTCAGTTTACCCAGCTTTTAAAGTGAAGCCAAACAGCTCTTA 5187
DB 39032 CAAAAACAGCTTTTAAAGTCAGTTTACCCAGCTTTTAAAGTGAAGCCAAACAGCTCTTA 39090

RESULT 14
ID AEN84856 standard; DNA; 4459 BP.
XX AEN84856;
XX
XX 15-NOV-2002 (first entry)
XX
XX Tomato 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase LE-ACS7 gene.
XX 1-Aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase; ACC synthase; enzyme;
XX tomato; chromosome 2; plant; transgenic plant; stress tolerance;
XX flooding; crop protection; promoter; LEAGS7S013; LE-ACS7; gene; de.
XX Lycopodium esculentum.
XX
XX Key Location/Qualifiers
FH Promoter 1..2463
FT /+tag= a
FT /note= "region specifically described in Claim 1"
FT exon 464..2742
FT /+tag= h
FT LRR 696..783
FT /+tag= b
FT /note= "defines Sol3 element"
FT protein_bind 1190..1200
FT /+tag= d
FT /bound_molety= "Nuclear protein"
FT /note= "Nuclear protein binding region C"
FT protein_bind 1356..1385
FT /+tag= e
FT /bound_molety= "Nuclear protein"
FT /note= "Nuclear protein binding region D"
FT protein_bind 1413..1439
FT /+tag= f
FT /bound_molety= "Nuclear protein"
FT /note= "Nuclear protein binding region E"
FT LRR 2464..4066
FT /+tag= c
FT /note= "defines Sol3 element"
FT CDS 2743..2845
FT /product= "ACC synthase"
FT /note= "Contains introns"
FT intron 3087..3102
FT /+tag= j
FT /+tag= k
FT exon 3103..4066
FT /+tag= i
XX

```

PN US6414221-B1.
XX 02-JUL-2002.
XX
PF 28-JUL-1999; 99US-00363243.
XX
PR 28-JUL-1999; 99US-00363243.
XX
PA (REGC) UNIV CALIFORNIA.
XX
PI Oetiker JH, Shiu OY, Yang SF, Yip WK;
XX P-PSDB; ABB79790.
DR MPI; 2002-641584/69.
XX
PT Novel recombinant expression cassette for expressing heterologous genes,
PT has 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase 7 promoter operably
XX linked to polynucleotide sequence and induced in response to flooding.
XX
PS Claim 1; Col 21-28; 21DP; English.
XX
CC The present sequence, the promoter region of which is claimed, is the 1-
CC aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase (ACC synthase) LE-ACS7 gene
CC on tomato chromosome 2. The gene was isolated by a combination of RT-PCR
CC and subtraction by restriction enzyme digestion. The LE-ACS7 gene is
CC rapidly and transiently induced in waterlogged roots and in wounded
CC leaves. In combination with LE-ACS2, the LE-ACS7 transcript forms a
CC ethylene pattern that slightly precedes the diurnal fluctuation of
CC ethylene synthesis by leaves of the flooded plants. Thus, the invention
CC provides a new class of inducible promoters, especially the LE-ACS7 gene
CC promoter, that provide transient expression of a desired protein or mRNA
CC within minutes of stimulus. The promoters can be induced by environmental
CC stresses, such as flooding or wounding, without the application of
CC chemicals. The LE-ACS7 promoter can be recombinantly fused to a
CC heterologous nucleic acid to produce claimed recombinant expression
CC cassettes. Flooding can be used to induce expression of e.g. genes that
CC confer resistance to insect pests or pathogens, or which confer
CC resistance to herbicides, cold, salinity, drought or wounding.
CC Alternatively, the promoter may be used to transcribe an mRNA that is not
CC translated into a protein, e.g. antisense RNA or ribozymes. The LE-ACS7
CC promoter contains an region, designated LEACS7Sol3, that shows homology
CC to known tomato and potato Sol3 elements, and which is flanked by 2 long
CC terminal inverted repeats. It also contains 3 motifs that show homology
CC to polygalacturonase promoter nuclear protein binding DNA sequences (see
CC also ABN4857-59)
XX
SQ Sequence 4459 BP; 1530 A; 708 C; 722 G; 1499 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 3.6%; Score 271.6; DB 6; Length 4459;
Best Local Similarity 59.1%; Pred. No 1.6e-25;
Matches 606; Conservative 0; Mismatches 389; Indels 31; Gaps 7;
QY 5 TTCTTAAAGGCAATTGATTAATTGAAGTCAAAATATTAATTAACAATGTGTA 64
DB 1714 TTGATTAAGCTTATGATTAATTAATAAGGCGCACTAATATGTAACAATTATA 1655
QY 65 GCACCTTAAGCAACCACTAGTTGAAGGTTACCAATGCCGATATATTAATCACTTGAT 124
DB 1654 ACTAAGAAAGCAATTCACCCGCTTCAATTAAGACATTAACCAATAGATATAT 1595
QY 125 AATATTAATAAAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAATATTTCTCAAAAGTATCGAATG 184
DB 1594 AATTTATTTTAAAGCAAGATTAAGAAATGTACAAATTAACCTTCATCACTTATGGC 1535
QY 185 TACAAAACCAACATC-CGTCCACCTATATGACCCAAATTAATTAATTCACCTTTGA 243
DB 1534 TTCAAAATATCTTTTCATCACTCATTAATGTGGTCCAAAATACCTTTGTATCCACCTTTGG 1475
QY 244 GTTTAAATTTGACTTATATTAACAATTTCAATTTAACTTTTAACTTTTAA 303
DB 1474 GTTTAAATTTGACCACTTATTAACGATTTTATTTAACTTATTAATTTTAA 1415
QY 304 ATACATGGGCTTCAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAACCAAC 363

DB 1414 ATACCTGGTCTCACTATTTGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCAATC 1355
QY 364 AACTACCAACTCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 408
DB 1354 TACTACCAAGCACTTAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1295
QY 409 CAAATTTGCTTAAACACTTAATAAACAAGCAAGAAATTTGTGAGTCCGAATGGAAGCAC 468
DB 1294 GCTACGCAATTAAGTGTCTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1235
QY 469 CAATCTAATTTAGTTGAGCCGCAATTTAGAGGACACTTTCATATGATTTTTCAA 528
DB 1234 CTACATTAATAATCAACCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1175
QY 529 GCATGAATTTGAATTAAGATTAATGAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTA 588
DB 1174 GTCTCAATTAATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1115
QY 589 CTT-----TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 642
DB 1114 TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1055
QY 643 TGAATTAATTTTAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 702
DB 1054 GGGATGATTAATTTCTTACCTTCAATTTGAAGAAAGTCTCTTAATTAAGCGGC 995
QY 703 ATATTAATTAAGTAA-----CATAGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 758
DB 994 TCACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 935
QY 759 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 817
DB 934 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 875
QY 818 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 877
DB 874 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 816
QY 878 GATGGAAGGATTTTAAAGCCATTAAGGAGGATGAAGAGATTTTGAAGCCAAATATG 937
DB 815 GATGCAAGGATTTTAAAGCCATTAAGGAGGATGAAGAGATTTTGAAGCCAAATATG 756
QY 938 TGATGATGAGGATTAATTTGATCAATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 997
DB 755 TGA---ATGAAGGATTAATTTGATCAATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 699
QY 998 TCCCTT 1003
DB 698 TCCGTT 693
RESULT 15
ABN84856
ID ABN84856 standard; DNA; 4459 BP.
XX
AC ABN84856;
XX
DT 15-NOV-2002 (first entry)
XX
DE Tomato 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase LE-ACS7 gene.
XX
KW 1-Aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase; ACC synthase; enzyme;
XX tomato; chromosome 2; plant; transgenic plant; stress tolerance;
XX flooding; crop protection; promoter; LEACS7Sol3; LE-ACS7; gene; ds.
XX
OS Lycopersicon esculentum.
XX
XX
XX Key Location/Qualifiers
FH 1..2463
FT promoter
FT /note= a
FT 464..2742
FT exon

```

PT LTR /+tag= h
PT 696. .783
PT /+tag= b
PT /note= "defines Sol3 element"
PT protein_bind /bound_moiety= "Nuclear protein"
PT 1190. .1200
PT /+tag= d
PT /note= "Nuclear protein binding region C"
PT 1356. .1385
PT /+tag= e
PT /bound_moiety= "Nuclear protein"
PT /note= "Nuclear protein binding region D"
PT 1413. .1439
PT /+tag= f
PT /bound_moiety= "Nuclear protein"
PT /note= "Nuclear protein binding region E"
PT complement (1483. .1572)
PT LTR /+tag= c
PT /note= "defines Sol3 element"
PT 2464. .4066
PT /+tag= g
PT /product= "ACC synthase"
PT /note= "Contains introns"
PT 2743. .2845
PT /+tag= i
PT 2846. .3006
PT /+tag= j
PT 3007. .3102
PT /+tag= k
PT 3103. .4066
PT /+tag= l
PT exon
PT intron
PT 28-JUL-1999; 99US-00363243.
PT 28-JUL-1999; 99US-00363243.
PT (REGC ) UNIV CALIFORNIA.
PT Octiker JH, Shiu OY, Yang SF, Yip WK,
PT WPI; 2002-641584/69.
PT P-PSDB; ABB79790.
PT Novel recombinant expression cassette for expressing heterologous genes,
PT has 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase 7 promoter operably
PT linked to polynucleotide sequence and induced in response to flooding.
PT Claim 1; Col 21-28; 21pp; English.
XX
XX The present sequence, the promoter region of which is claimed, is the 1-
XX aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase (ACC synthase) LE-ACS7 gene
XX on tomato chromosome 2. The gene was isolated by a combination of RT-PCR
XX and subtraction by restriction enzyme digestion. The LE-ACS7 gene is
XX rapidly and transiently induced in waterlogged roots and in wounded
XX leaves. In combination with LE-ACS2, the LE-ACS7 transcript forms a
XX rhythmic pattern that slightly precedes the diurnal fluctuation of
XX ethylene synthesis by leaves of the flooded plants. Thus, the invention
XX provides a new class of inducible promoters, especially the LE-ACS7 gene
XX promoter, that provide transient expression of a desired protein or mRNA
XX within minutes of stimulus. The promoters can be induced by environmental
XX stresses, such as flooding or wounding, without the application of a
XX chemical. The LE-ACS7 promoter can be recombinantly fused to a
XX heterologous nucleic acid to produce claimed recombinant expression
XX cassettes. Flooding can be used to induce expression of e.g. genes that
XX control resistance to insect pests or pathogens, or which confer
XX resistance to herbicides, cold, salinity, drought or wounding.
XX Alternatively, the promoter may be used to transcribe an mRNA that is not
XX translated into a protein, e.g. antisense RNA or ribozymes. The LE-ACS7
XX promoter contains an region, designated LEACS7Sol3, that shows homology

```

CC to known tomato and potato Sol3 elements, and which is flanked by 2 long
 CC terminal inverted repeats. It also contains 3 motifs that show homology
 CC to polygalacturonase promoter nuclear protein binding DNA sequences (see
 CC also AB04857-59)

XX Sequence 4459 BP; 1530 A; 708 C; 722 G; 1499 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 3.6%; Score 268; DB 6; Length 4459;
 Best Local Similarity 59.9%; Pred. No. 4,4e-25;
 Matches 603; Conservative 0; Mismatches 372; Indels 32; Gaps 8;

```

QY 143 ATTGAAAAGGGCTTAAATATTCTCAAGATTCGAAGATGTGACAAACTACCATCGT 202
DB 124 ATGAAAATGGTCAAAATATACCTTCATTCACCTATGTGACCAAAATGCTTTTCAT 783
QY 203 CCACCTATGACCTCCAAATATAATATATCAACCTTGAGTTTAAATTTGACTACTTA 262
DB 784 CCACCTATGACCTCCAAATATAATATATCAACCTTGAGTTTAAATTTGACTACTTA 842
QY 263 TATACAAATTCCTAAATTTAACTATTTTAAATTTAAATATACATGGGCTCAATAT 322
DB 843 TTTAATTTGTTAATAATTAATTAATCTTAAATATTTTAAATATCTGGGCTCAATAT 902
QY 323 TTAATAT-TAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 381
DB 903 TAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 962
QY 382 CATTAATATCCCACTCAATTTCTATCAAAATTTGCTTAATCACTTAATTAATTAAT 441
DB 963 AACTAAACCTCAGCTCAATTAATTAATTTAGTTGACCGCTTAATTAATTAATTAAT 1022
QY 442 AATTTGTTGAGTCCGATGAGACCAATCTAATTTAGTTGAGCCGATTTTGA 501
DB 1023 CAATAATGAAAGGTAAAGAAATATATATATCCGAAATTAATTCATGCACTTTTAAATA 1082
QY 502 GGAACCTTCATATA-----GTATTTTTCAGACATGAATTTGAATTTAAGATTAAATG 555
DB 1083 TAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1142
QY 556 GTA---AAGAGTAGTACACCGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 612
DB 1143 TTACCTATGAGTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1202
QY 613 TATTTATGAT-----GTTTAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 665
DB 1203 GACTTTAATGTTATATGCGGATTTTATATGACCACTGAATTAATTAATTAATTAAT 1262
QY 666 TTATCTATTAAGTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 719
DB 1263 ATATTTTATTAAGAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1322
QY 720 ---AGTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 776
DB 1323 AGAGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1382
QY 777 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 836
DB 1383 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1442
QY 837 TAAACCGTTAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 896
DB 1443 TAAATCGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1502
QY 897 AGCAATATGGGGATGAGAAAGATTTTGAACCAATATATGATATGATGAGAGATTAAT 956
DB 1503 ACCCAATATGATGATGAGAAAGATTTTGAACCAATATATGATATGATGAGAGATTAAT 1559
QY 957 TTGATATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1014
DB 1560 TTATACATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1619
QY 1015 AGACTATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1074

```

Db 1620 TAAATTGAGCGGGTGAATTGCTCTTTAGTTTATAAGTTGTTACATAATTAGTGC 1679

Qy 1075 TTATATAATTTTAAAAAATAATATATTTTCCATTTAAGTTGAT 1121

Db 1680 CCGCTTTAATTATTCATCATTAAGTTTAATCACTGAACCTTAAT 1726

Search completed: March 1, 2005, 03:24:03
Job time : 3479 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 1, 2005, 01:16:28 ; Search time 20542 Seconds
(without alignments)
13815.947 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 34239544 seqs, 19032134700 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 68479088

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

EST:*
1: gb_est1:*
2: gb_est2:*
3: gb_est3:*
4: gb_est4:*
5: gb_est5:*
6: gb_est6:*
7: gb_est7:*
8: gb_est8:*
9: gb_est9:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	466	6.2	498	2	BR461088 EST412507
2	465	6.2	489	2	BR436842 EST407960
3	465	6.2	582	4	BM409146 EST583473
4	435.8	5.8	439	2	BE436022 EST407100
5	434	5.8	491	2	BE431870 EST398398
6	432.4	5.8	496	2	BE460656 EST412075
7	425	5.7	457	2	AW222632 EST299443
8	422	5.7	475	2	BR435387 EST406465
9	422	5.7	644	2	AW442052 EST311448
10	406	5.4	556	6	CD003180 EST1296 N
11	396.6	5.3	729	2	AW222257 EST299068
12	394	5.3	427	2	AW222423 EST299234
13	391.8	5.3	600	2	BE434988 EST406076
14	387.2	5.2	635	2	AW442198 EST311594
15	385.2	4.9	370	2	AW222707 EST299518
16	364.4	4.9	366	2	BE461740 EST413159
17	352.4	4.7	728	4	BM413075 EST587402
18	332	4.5	477	2	BF112590 EST440168
19	327	4.4	431	2	AW222783 EST299594
20	325.8	4.4	703	4	BM536089 EST589111
21	324.8	4.4	532	4	BM409999 EST584326
22	324.8	4.4	670	4	BM411547 EST585874
23	322.8	4.3	572	2	AW223468 EST300279
24	308.4	4.1	315	2	AW222975 EST299786

25	303.8	4.1	333	2	AW222973	AW222973 EST299784
26	303.8	4.1	358	2	AW441805	AW441805 EST311201
27	303.8	4.1	434	2	AW222163	AW222163 EST298974
28	303.8	4.1	434	2	AW224240	AW224240 EST300967
29	303.8	4.1	507	2	AW223872	AW223872 EST300683
30	303.8	4.1	520	2	AW224332	AW224332 EST301143
31	303.8	4.1	604	2	BE433321	BE433321 EST399850
32	302.2	4.1	767	4	BM412528	BM412528 EST586855
33	301.8	4.0	497	2	AW222222	AW222222 EST299033
34	293.8	3.9	497	2	AW441746	AW441746 EST311142
35	282.2	3.8	600	2	AW441498	AW441498 EST310894
36	281.4	3.8	630	8	BH012910	BH012910 TDGAP85TH
37	280.8	3.8	617	2	BE460938	BE460938 EST412357
38	280.8	3.8	619	4	BM413202	BM413202 EST587529
39	280.8	3.8	742	4	BM413282	BM413282 EST587609
40	279.4	3.7	289	2	AW224327	AW224327 EST301054
41	267.6	3.6	615	8	AQ368316	AQ368316 COB00021
42	262.4	3.5	264	2	BE434103	BE434103 EST405181
43	250.4	3.4	709	2	AW441939	AW441939 EST311335
44	247.6	3.3	628	8	BH012784	BH012784 TDGAP96TH
45	236.8	3.2	550	2	BE461310	BE461310 EST412729

ALIGNMENTS

RESULT 1
BE461088
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNAL
COMMENT
FEATURES
source
1. 498
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA96"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="CUEG37022"
/tissue_type="Pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_1lb="tomato breaker fruit, TIGR"
/note="Vector: pBluescriptKS(NotI) site_1: EcoRI;
site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage of
(first sign of lycopen accumulation on the blossom end
of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."

Query Match 6.2%; Score 466; DB 2; Length 498;
Best Local Similarity 98.6%; Pred. No. 6.9e-58;
Matches 491; Conservative 0; Mismatches 5; Indels 2; Gaps 2;

FEATURES	source
Db	5135 CGAGCTTTTAGTCAGTTTGAACAAGCTTTTAAAGCTGACGCCAAACAGGCTCTTAAATATTC 5194
Db	1 CGAGCTTTTAAAGTCAAGTTGACCAAGCTTTTAAAGCTGACGCCAAACAGGCTCTTAAATATTC 60
Qy	5195 TCGTTAGATGTCGTATATATATATTTAGCTTTTAAAGCTGACGTATATATATCTTAAAGTTC 5254
Db	61 TCGTTAGATGTCGTATATATATATTTAGCTTTTAAAGCTGACGTATATATATCTTAAAGTTC 120
Qy	5255 AACAT-AAAATACATGCTTTAACTATGCAACATATGTTAATCAAAAAGACGAATGATGAA 5313
Db	121 AACATAAAATACATGCTTTAACTATGCAACATATGTTAATCAAAAAGACGAATGATGAA 180
Qy	5314 TAAATTTGGCAATTTATTTATTCACAGAAAGAGGATGTTCAAGTGTACATTTCAATG 5373
Db	181 TAAATTTGGCAATTTATTTATTCACAGAAAGAGGATGTTCAAGTGTACATTTCAAGT 240
Qy	5374 AATTGAAGATATCATTAACACTTAAATTTGAAGAAATCAATATATGAGGATCAAAAATGT 5433
Db	241 AATTGAAGATATCATTAACACTTAAATTTGAAGAAATCAATATATGAGGATCAAAAATGT 300
Qy	5434 TATTAACCTATTTAAATACATTTCAATTTTCAATATTAATTAATTAATTAAGAGTGT 5493
Db	301 TATTAACCTATTTAAATACATTTCAATTTTCAATATTAATTAATTAATTAAGAGTGT 360
Qy	5494 AATAATCTATTAACATGCAATATTTATTTAGCAAAATGTGTTTGGTACTTAATATCTT 5553
Db	361 AATAATCTATTAACATGCAATATTTATTTAGCAAAATGTGTTTGGTACTTAATATCTT 420
Qy	5554 TCTGAATATTTGCTC-TATTTTTCCTCTTTTATTTTCCATGGATTAATTTGGAAGCT 5612
Db	421 TCTGAATATTTGCTCTTATTTTTCCTCTTTTATTTTTCATGGATTAATTTGGAAGCT 480
Qy	5613 TAGGATCTGGAATTTCAAG 5630
Db	481 TAGGATCTGGAATTTCAAG 498
RESULT 2	
BE436842	
LOCUS	BE436842 489 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
DEFINITION	EST1407960 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
ACCESSION	BE436842
VERSION	BE436842.1 GI:9434685
KEYWORDS	EST.
SOURCE	Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM	Lycopersicon esculentum
REFERENCE	Eukaryotes; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 489)
AUTHORS	Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E., Mierman,M., Fraser,C.M., Craven,M.B., Bowman,C.L., Romling,C.M., Tanksey,S.D.
TITLE	Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
JOURNAL	Unpublished (2000)
COMMENT	Contact: CVGI Clemson University Genomics Institute Clemson University 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html 5 prime sequence.
FEATURES	Location/Qualifiers 1..489

ORIGIN

Query Match	6.2%	Score 465;	DB 2;	Length 489;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 9.6e-58;		
Matches 465;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;
QY	6785	CAGTTTCAGCAGTTCAAGTGAAGAAATGCGTATGAGAAATATCAAGGCAAGGCA	6844	
DB	23	CAGTTTCAGCAGTTCAAGTGAAGAAATGCGTATGAGAAATATCAAGGCAAGGCA	82	
QY	6845	ACAAAGGTGCGCATATAAATTTGATTCGACGACAAACCTTCCATGTGAAGAAATATATG	6904	
DB	83	ACAAAGGTGCGCATATAAATTTGATTCGACGACAAACCTTCCATGTGAAGAAATATATG	142	
QY	6905	GAGAAATATAAATTTAGTAGGGGAAAGTGGAAACCATCAGAGGCTACGTGCAAAATGTC	6964	
DB	143	GAGAAATATAAATTTAGTAGGGGAAAGTGGAAACCATCAGAGGCTACGTGCAAAATGTC	202	
QY	6965	CAATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTTCAGAGAT	7024	
DB	203	CAATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTTCAGAGAT	262	
QY	7025	GAAGCTCTTTGTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	7084	
DB	263	GAAGCTCTTTGTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	322	
QY	7085	TATATCAACAATTAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	7144	
DB	323	TATATCAACAATTAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	382	
QY	7145	TTGAAGTTTATATTAAGAATCTATATGATTTCTATTTTCTATGCAAAAGTTTGACATGTG	7204	
DB	383	TTGAAGTTTATATTAAGAATCTATATGATTTCTATTTTCTATGCAAAAGTTTGACATGTG	442	
QY	7205	ACTTTTATATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	7249	
DB	443	ACTTTTATATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	487	
RESULT 3	BM409146	582 bp	MRNA	linear
LOCUS	BM409146/C	EST 22-JAN-2002		
DEFINITION	EST583473 tomato breaker fruit Lycopersicon esculentum cDNA clone			
ACCESSION	BM409146			
VERSION	BM409146.1			
KEYWORDS	GI:18260776			
SOURCE	EST.			
ORGANISM	Lycopersicon esculentum (tomato)			
REFERENCE	Lycopersicon esculentum			
AUTHORS	Bukarjaya; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 582)			
	Alcala, J., Vrebalov, J., White, R., Vaison, T., Karamycheva, S.A., Tsai, J., Bougri, O., Kirnness, E., Utterbeck, T., Van Aren, S., Roming, C.M., Frazer, C.M., Martin, G.B., Tanksley, S.D. and Giovannoni, J.			
	Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage (2002)			
	Unpublished (2002)			
	Contact: CUGI			

TITLE Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage (2002)
JOURNAL Unpublished (2002)
COMMENT Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
This clone is available through the Clemson University Genomics Institute

FEATURES
source
Seq primer: T3.
Location/Qualifiers
1..582
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="cLEG47K2"
/issue_type="Pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_1lb="tomato breaker fruit"
/note="Vector: pBluescriptSKmCudap; Site 1: EcoRI;
Site 2: XhoI; supplier: Boyce Thompson Institute;
sequencing: The Institute for Genomic Research. Fruit
were harvested at the breaker stage (first sign of
lycopene accumulation on the blossom end of fruit). Fruit
were cut in half and the seeds and locules were discarded
prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 6.2%; Score 465; DB 4; Length 582;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 9.5e-58;
Matches 465; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
Qy 6785 CAGTTTCAGACAGTTCAAGTGAATAATGTGGTATGAGAAATATCAAGGACAGAGTCA 6844
Db 465 CAGTTTCAGACAGTTCAAGTGAATAATGTGGTATGAGAAATATCAAGGACAGAGTCA 406
Qy 6845 ACAAGGTGGCCATMAAATTTGATTGACAGCAAACTTCCATGTGAAGAAATATATATG 6904
Db 405 ACAAGGTGGCCATMAAATTTGATTGACAGCAAACTTCCATGTGAAGAAATATATATG 346
Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAATAACCATCAAGGCTACGTGCAAAATGTC 6964
Db 345 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAATAACCATCAAGGCTACGTGCAAAATGTC 286
Qy 6965 CATTTTACATGCTGAACATGTACACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
Db 285 CATTTTACATGCTGAACATGTACACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 226
Qy 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7084
Db 225 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 166
Qy 7085 TATATCAATTAACCAATCTATATCTATGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7144
Db 165 TATATCAATTAACCAATCTATATCTATGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 106
Qy 7145 TTGAGTTTAAATAGCTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 7204
Db 105 TTGAGTTTAAATAGCTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 46
Qy 7205 ACTTTTAAATGACAAAATTAATAATGTTATTTATATGATGT 7249
Db 45 ACTTTTAAATGACAAAATTAATAATGTTATTTATATGATGT 1

RESULT 4
BE436022/c 439 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS EST1407100 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
DEFINITION clone cLEG30018, mRNA sequence.
ACCESSION BE436022
VERSION BE436022.1 GI:9433865
KEYWORDS EST.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryote: Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
REFERENCE 1 (bases 1 to 439)
Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holc,I.E.,

TITLE
JOURNAL
COMMENT
Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ronning,C.M.,
Nieman,W., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and
Tankley,S.D.
Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
Unpublished (2000)
Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..439
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="cLEG30018"
/issue_type="Pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_1lb="tomato breaker fruit, TIGR"
/note="Vector: pBluescriptSKmCudap; Site 1: EcoRI;
Site 2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage
(first sign of lycopene accumulation on the blossom end of
the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.8%; Score 435.8; DB 2; Length 439;
Best Local Similarity 99.5%; Pred. No. 1.7e-53;
Matches 437; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;
Qy 6811 TGTGGTATGAGAAATTCAGGGCACAATGTCACAAAGGTGCCATTAATTTGATTG 6870
Db 439 TGTGGTATGAGAAATTCAGGGCACAATGTCACAAAGGTGCCATTAATTTGATTG 380
Qy 6871 CAGACAAATTTCCATGTGAAGAAATTAATGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6930
Db 379 CAGACAAATTTCCATGTGAAGAAATTAATGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 320
Qy 6931 TGGAAACCATCAGAGGCTACGTCAAAATGTCATTTTAACATGCTGAACATGTTAC 6990
Db 319 TGGAAACCATCAGAGGCTACGTCAAAATGTCATTTTAACATGCTGAACATGTTAC 260
Qy 6991 ACCACACTGCACTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGAAGCTCTTTGTATTAATTAAT 7050
Db 259 ACCACACTGCACTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGAAGCTCTTTGTATTAATTAATTAAT 200
Qy 7051 TATACATTAATCTCAATTAATTAAGAGATATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7110
Db 199 TATACATTAATCTCAATTAATTAAGAGATATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 140
Qy 7111 TATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7170
Db 139 TATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 80
Qy 7171 ATTTCTATTTTCAGTCAAAAGTTTGACGATTTGACTTTTAAATGTCAAAAATTAATTA 7230
Db 79 ATTTCTATTTTCAGTCAAAAGTTTGACGATTTGACTTTTAAATGTCAAAAATTAATTA 20
Qy 7231 ATGTTATTTATATGATGT 7249
Db 19 ATGTTATTTATATGATGT 1

RESULT 5
BE431870/c 491 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS EST3838398 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
DEFINITION clone cLEG4A12, mRNA sequence.
ACCESSION BE431870
VERSION BE431870.1 GI:9429713

QY	7245	TTGAAGCTTTATAGACTACGATGATATTTTCATATTTCTAGCAAAAGCTTTGACGATGT	7204
Db	74	TTGAAGCTTTATAGACTACGATGATATTTTCATATTTCTAGCAAAAGCTTTGACGATGT	15
QY	7205	ACTTTTATATGTAC 7218	
Db	14	ACTTTTATATGTAC 1	
RESULT 7			
AM222632		457 bp	EST 18-MAY-2001
LOCUS	AM222632		
DEFINITION	EST2299443 tomato fruit red ripe, TMU lycopersicon esculentum cDNA		
ACCESSION	AM222632		
VERSION	AM222632.1		
KEYWORDS	EST.		
SOURCE	Lycopersicon esculentum (tomato)		
ORGANISM	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.		
REFERENCE	1 (bases 1 to 457)		
AUTHORS	Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matern,A.L., Holt,I.E., Liang,F., Upson,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ahn,S., Romling,C.M., Fraser,C.M., Martin,G.B., Tanksley,S.T. and Giovannoni,J.		
TITLE	Generation of ESTs from tomato fruit tissue		
JOURNAL	Unpublished (1999)		
COMMENT	Contact: CUGI		
	Clemson University Genomics Institute		
	Clemson University		
	100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA		
	Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html		
FEATURES	5 prime sequence.		
source	location/Qualifiers		
	1..457		
	/organism="Lycopersicon esculentum"		
	/mol_type="mRNA"		
	/cultivar="TA96"		
	/db_xref="taxon:4081"		
	/clone="CLEN8H22"		
	/tissue_type="pericarp"		
	/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"		
	/clone_1ba="tomato fruit red ripe, TMU"		
	/note="Vector: pBluescript SK(-); Site 1: RcoR1; Site 2: XhoI; supplier: Giovannoni. Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopen accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."		
ORIGIN			
Query Match	5.7%;	Score 425;	DB 2; Length 457;
Best Local Similarity	98.7%;	Pred. No. 6.2e-52;	
Matches	451; Conservative	0; Mismatches	0; Indels 6; Gaps 2;:
QY	5913	AATGTTGCTTTGTTTGAAGATTGGTTTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAAC	5972
Db	1	AATGTTGCTTTGTTTGAAGATTGGTTTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAAC	60
QY	5973	TTATTAATAAAGGGGCTGCACCGCGCG-CCCACTATGCTAGTACATTAAGGAAGTC	60311
Db	61	TTATTAATAAAGGGGCTGCACCGCGCGCTCCACTAGTGTCAATTAAGGAAGTC	120
QY	6032	TCACGCTGTTTATTCAGATGGACCTTTGGTGAATGTTAATTAATTAATTAATTTAAT	60919
Db	121	TCACGCTGTTTATTCAGATGGACCTTTGGTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTTAAT	180
QY	6092	AACATGTAATTAACATTATATAAT-----TAATGCTTTAATTAATGAGGAGATC	61468

Dd		181	AACATGTAATTAGCATTTATTAATAATTAAATGTGGTTTAAATGTGGAGGATC	240
Oy		6147	TGACAAGCTAAGCAATCAAAATTTTCGAATGTGGAAAATGCAGAAGTTAATCCAT	6206
Dd		241	TGACAAGCTAAGCAATCAAAATTTTCGAATGTGGAAAATGCAGAAGTTAATCCAT	300
Oy		6207	AATTATAGACCNAACATTTGTGATCGAGTGAAACCATGTATACACAGGTAATTTTTT	6266
Dd		301	AATTATAGACCNAACATTTGTGATCGAGTGAAACCATGTATACACAGGTAATTTTTT	360
Oy		6267	TTAACGAACAATTATATATATTTTATTAATCTCTTAATACCTTACATCATTAACCTT	6326
Dd		361	TTAACGAACAATTATATATATTTTATTAATCTCTTAATACCTTACATCATTAACCTT	420
Oy		6327	GAGATTCCTTTTCACTAGTAGTAATCACTTTTGGATAGA	6363
Dd		421	GAGATTCCTTTTCACTAGTAGTAATCACTTTTGGATAGA	457
RESULT 8				
LOCUS	BE435387	475 bp	mRNA	linear EST 18-MAY-2001
DEFINITION	EST406465 tomato breaker fruit, TIGR Lycopodium esculentum cDNA clone GLEB26D15, mRNA sequence.			
ACCESSION	BE435387			
VERSION	BE435387.1	GI:9433230		
KEYWORDS	EST.			
SOURCE	Lycopodium esculentum (tomato)			
ORGANISM	Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophytes; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopodium.			
REFERENCE	1 (bases 1 to 475) Alcala,J., Veshlov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E., Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ronning,C.M., Nierman,W., Frazer,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and Tanksley,S.D. Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage unpublished (2000)			
AUTHORS	Contact: CUGI Clemson University Genomics Institute Clemson University 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html			
JOURNAL	5 prime sequence.			
COMMENT	Location/Qualifiers			
FEATURES	location/Qualifiers			
SOURCE	1..475 /organism="Lycopodium esculentum" /mol_type="mRNA" /cultivar="TA496" /db_xref="taxon:4081" /clone="GLEB26D15" /feature_type="Pericarp" /dev_stage="breaker" /lab_host="SOLR" /clone_id="tomato breaker fruit, TIGR" /note="vector: pBluescriptSKcmvadapt; Site_1: Score; Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the Breaker stage (first sign of lycopen accumulation on the blossom end of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."			
ORIGIN				
Query Match	5 7%; Score 422; DB 2; Length 475;			
Best Local Similarity	100.0%; Prid. No. 1.7e-51;			
Matches 422; Conservative	0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;			
Oy	6785	CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTCAAAAAAGTGGTGTATGAGATATCAAGGCCACAAGTCA	6844	44
Dd	54	CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTCAAAAAAGTGGTGTATGAGATATCAAGGCCACAAGTCA	113	113
Oy	6845	ACAAAGGTGGCCATTAATTTGATTCGACGACCAACTTTCCATGTGAAGCAATTATATG	6904	4

Db	114	ACAAAGTGGCCATAAAAATTTGATTGCACACAAACTTTCATGTGAAAGAAATTATAAAG	173
QY	6905	GAGAAATATTAATTTAGTAGGGGAAAAGTGGAAAAACATCAGAGGCTACGTGCAAAATAATGTC	6966
Db	174	GGAATATATAAATTTTGATAGGGGAAAAGTGGAAAACATCAGAGGCTACGTGCAAAATAATGTC	233
QY	6965	CATTTTAACAAATGCGAATGTTTACACACACTGCACTTCCTCACTAGAAATTTTCAAGAGAT	702
Db	234	CATTTTAAACAATGCTGACATGTATACACCACTGCACTTCCTCACTAGAAATTTTCAAGAGAT	293
QY	7025	GAAGCTCTTTTGTAATTAATTAATTTATATCTATAGATCTTCGAATATATAGACAGATATGA	7084
Db	294	GAAGCTCTTTTGTAATTAATTAATTAATTAATCTATAGATCTTCGAATATATAGACAGATATGA	353
QY	7085	TATATACAAATTAACAAATCTATATCTATGTATTGAAATATTATTATTAATATGTGACGA	7144
Db	354	TATATACAAATTAACAAATCTATATCTATGTATTGAAATATTATTATTAATATGTGACGA	413
QY	7145	TTGAAGTTTATATAGACTACTATGATTTCAATTTTCAGTCAAAAGTTTGAAGATGT	7200
Db	414	TTGAAGTTTATATAGACTACTATGATTTCAATTTTCAGTCAAAAGTTTGAAGATGT	473
QY	7205	AC 7206	
Db	474	AC 475	

RESULT 9	AM442052	644 bp	mRNA	linear	EST 18-MAY-2001
LOCUS	AM442052				
DEFINITION	ESJ31448 tomato fruit red ripe, TAMU Lycopersicon esculentum cDNA clone cLEN21111 5', mRNA sequence.				
ACCSSION	AM442052				

ACCSSION	AW442052	GI:5977303
VERSION	AW442052.1	
KEYWORDS	EST.	
SOURCE	Lycopersicon esculentum	(tomato)
ORGANISM	Lycopersicon esculentum	

REFERENCE
Alcala, J., Vrehob, J., White, R., Matern, A. L., Holt, I. E., Ilang, F.,
1 (bases 1 to 644)
Eukaryota: Viridiplantae: Streptophyta: Embryophyta: Tracheophyta,
Spermatophyta: Magnoliophyta, eudicotyledons, core eudicots,
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
Alcala, J., Vrehob, J., White, R., Matern, A. L., Holt, I. E., Ilang, F.,
1 (bases 1 to 644)

UPON, J., HANSEN, T., CRAVEN, M. B., BOWMAN, C. L., AHN, S.,
ROMANOV, C. M., FRASER, C. M., MARTIN, G. B., TANKSLEY, S. D. and
GIOVANNONI, J.
Generation of ESTs from tomato fruit tissue
Unpublished (1999)
Contact: CUGI

Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1. .644

```

/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="rRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="cLEN21111"
/tissue_type="pericarp"
/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
/clone_1b="tomato fruit red ripe, TMU"
/notes="Vector: pBluescript SK(-). Site_1: EcoRI, Site_2:
XhoI, supplier: Giovamoni. Fruit were tagged at the
breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the
blossom end of the fruit) and harvested 7 days
post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and
20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which
showed external or internal signs of pathogenesis were
discarded. Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."

```

ORIGIN

Query Match	5.7%;	Score 422;	DB 2;	Length 644;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 1.7e-51;		
Matches 422;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;

6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAGTGAATAATGCTGTATGAGATATCAAGGGCACAAGTGCA 6844

Db 223 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAATAATGTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAGTGCA 282

6845 ACAAGTGGCCATAAATTGATGTGCAGCACAACCTTCCATGTGAGCAATTATATG 6904

Db 283 ACAAGGTGGCCATAAATTGATTGACGACAAACTTTCATGTGAGGAAATTATATG 342

6905 GAGATATTAATTCTAGGGGAAAGTGAAAAACCATCAGAGCTACGTGCAAAAATGTC 6964

Db 343 GAGATATATAATTCTAGTGGGGAAGTGAACCATCAGAGCTACGTGCAAAAAATGTC 402

6965 CATTTTAATGCTGACATGTTACACACACACTGCCTTCACTAGAAATTTCAGAGGAT 7024

Db 403 CATTTTACATGCTGAACATGTTACACACACCTGCATTCTAGAAATTCAGAGAT 462

7025 GAAGCTCTTTGTATATTTAATTAACTATAGATCTTCAATATATAGCAGATATGA 7084

Db 463 GAAGCTCTTTTGTAATTAATTACTATGATCTTCATATATAGCAGATATGA 522

7085 TATATCAATAAACAATCTATATCTATGATGAATAATATTATTATTAATATGTAACGGA 7144

D5 523 TATATCAATTAACAATCTATCTATGTGATGATAATTATTATTATATATATGACCGA 582

Oy 7145 TTGAAGTTTAAATAGACTATATGATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATTGT 7204

D5 583 TTGAAGTTTAAATAGACTACTATGATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACCAATTGT 642

QY 7205 AC 7206

D_b **643 A_c 644**

RESULT 10

CD003180	LOCUS	556 bp	mRNA	1 linear	EST	02-MAY-2003
CD003180						

DEFINITION	EST1296 Normalized cDNA library from ripening tomato pericarp Lycopersicon esculentum cDNA clone lepU1296 similar to Acc#
EST1296	Normalized cDNA library from ripening tomato pericarp Lycopersicon esculentum cDNA clone lepU1296 similar to Acc#

sp|P05117|PGLR_LYCES; Polyalacturonase 2A precursor (PG-2A) (Pectinase) [E-value 4.00E-73], mRNA sequence.

ACCESSION	CD003180
VERSION	CD003180.1
	GI:30319918

KEYWORDS EST.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)

ORGANISM *Lycopersicon esculentum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;

Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.

REFERENCE
1 (bases 1 to 556)
Srivastava, A., Datsenka, T., Kudla, K., Bhaskaran, A. and Handa, A. K.

TITLE	Generation of a set of tomato cDNA clones from turning stage of fruits for macroarray analyses
-------	--

JOURNAL
Unpublished (2003)
COMMENT
Contact: Handa, AK

Department of Horticulture and Landscape Architecture
Purdue University

625 Agriculture Mall Drive, West Lafayette, IN 47907-2010, USA
Tel: 765 494 1339

Fax: 765 494 0391
Email: handa@hort.purdue.edu

Plate: KR3_0_B01_T3.nr
Seq primer: T3.

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1. .556

```

/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/analysis="1000"

```

/cd_xrel="taxon:4081"

/clone="LePU1296"
 /tissue type="Pericarp"
 /dev stage="Turning stage of fruit ripening."
 /clone_lib="Normalized cDNA library from ripening tomato pericarp"
 /note="Equal amounts of total RNA isolated from two tomato genotypes differing in juice Bostwick value were mixed and used to prepare a normalized cDNA library (Takahashi-N and Ko-MSH, 1994: Toward a whole cDNA catalog: construction of an equalized cDNA library from mouse embryos. Genomics-San-Diego, 23: 1, 202-210). The resultant PCR amplified products were ligated into pBluescript SKII+ vector (Stratagene) and transformed into E. coli DH5alpha"

ORIGIN

Query Match 5.4%; Score 406; DB 6; Length 556;
 Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 3.5e-49;
 Matches 406; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGTGTGATGAGTATTCAGAGGCACAGTGC 6844
 |||||||
 DB 147 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGTGTGATGAGTATTCAGAGGCACAGTGC 206
 |||||||

QY 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGTGAAGATTATATG 6904
 |||||||
 DB 207 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGTGAAGATTATATG 266
 |||||||

QY 6905 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGGTAGTGCAGAAATGTC 6964
 |||||||
 DB 267 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGGTAGTGCAGAAATGTC 326
 |||||||

QY 6965 CATTTTACAATGCTGAACATGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
 |||||||
 DB 327 CATTTTACAATGCTGAACATGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 386
 |||||||

QY 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7084
 |||||||
 DB 387 GAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 446
 |||||||

QY 7085 TATATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7144
 |||||||
 DB 447 TATATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 506
 |||||||

QY 7145 TTGAAGTTTAAATTAAGACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAA 7191
 |||||||
 DB 507 TTGAAGTTTAAATTAAGACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAA 553
 |||||||

RESULT 11
 AM222257
 LOCUS 729 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 DEFINITION EST299068 tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA
 clone GLEN7018, mRNA sequence.
 ACCESSION
 VERSION
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM

AW222257
 EST299068 tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA
 clone GLEN7018, mRNA sequence.
 AM222257
 AW222257.1 GI:6533941
 EST.
 Lycopersicon esculentum (tomato)
 Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 729)
 Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matern,A.L., Holt,I.E., Liang,F.,
 Upton,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ann,S.,
 Roming,C.M., Frazer,C.M., Martin,G.B., Tanksley,S.D. and
 Giovannoni,J.
 Generation of ESTs from tomato fruit tissue
 Unpublished (1999)
 Contact: CUGI
 Clemson University Genomics Institute
 Clemson University
 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
 Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>

FEATURES
 source
 5 prime sequence.
 Location/Qualifiers
 1..729
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="TA96"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="GLEN7018"
 /tissue type="pericarp"
 /dev stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
 /clone_lib="tomato fruit red ripe, TMU"
 /note="Vector: pBluescript SK(-); Site 1: EcoRI; Site 2: XhoI; supplier: Giovannoni. Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.3%; Score 396.6; DB 2; Length 729;
 Best Local Similarity 98.8%; Pred. No. 8e-48;
 Matches 410; Conservative 0; Mismatches 4; Indels 1; Gaps 1;

QY 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGTGTGATGAGTATTCAGAGGCACAGTGC 6843
 |||||||
 DB 315 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGTGTGATGAGTATTCAGAGGCACAGTGC 374
 |||||||

QY 6844 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGTGAAGATTATAT 6903
 |||||||
 DB 375 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGTGAAGATTATAT 434
 |||||||

QY 6904 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGGTAGTGCAGAAATGTC 6963
 |||||||
 DB 435 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGGTAGTGCAGAAATGTC 494
 |||||||

QY 6964 CCAATTTAAAGTCTGAACATGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7023
 |||||||
 DB 495 CCAATTTAAAGTCTGAACATGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 554
 |||||||

QY 7024 TGAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7083
 |||||||
 DB 555 TGAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 614
 |||||||

QY 7084 ATATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7143
 |||||||
 DB 615 ATATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 674
 |||||||

QY 7144 ATTGAAGTTTAAATTAAGACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTGAC 7198
 |||||||
 DB 675 ATTGAAGTTTAAATTAAGACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTGAC 729
 |||||||

RESULT 12
 AM222423
 LOCUS 427 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 DEFINITION EST299234 tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA
 clone GLEN8E17, mRNA sequence.
 ACCESSION
 VERSION
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM

AW222423
 EST299234 tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA
 clone GLEN8E17, mRNA sequence.
 AM222423
 AW222423.1 GI:6534107
 EST.
 Lycopersicon esculentum (tomato)
 Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 427)
 Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matern,A.L., Holt,I.E., Liang,F.,
 Upton,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ann,S.,
 Roming,C.M., Frazer,C.M., Martin,G.B., Tanksley,S.D. and
 Giovannoni,J.

TITLE Generation of ESTs from tomato fruit tissue
JOURNAL Unpublished (1999)
COMMENT Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES
source
1..427
Location/Qualifiers
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="CLEN817"
/tissue_type="pericarp"
/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
/clone_lib="tomato fruit red ripe, TMRU"
/note="Vector: pBluescript SK(-); Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI; supplier: Giovannoni; Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe). 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.3%; Score 394; DB 2; Length 427;
Best Local Similarity 98.4%; Pred. No. 2e-47;
Matches 420; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 6; Gaps 2;

QY 5913 AATGCTGCTTTGTTAGAAAGTTGGTTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAC 5972
DB 1 AATGCTGCTTTGTTAGAAAGTTGGTTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAC 60

QY 5973 TTATAATGAAAAAGGCGTGCACGCGCGG-CCCACTGCTGCTAGTATCAATAGGAAGATC 6031
DB 61 TTATAATGAAAAAGGCGTGCACGCGCGGCCCACTGCTGCTAGTATCAATAGGAAGATC 120

QY 6032 TCAAGCTGCTTTATTCAGATGACGCTTCTGTTGAATGTTAATTAATTAATTAAT 6091
DB 121 TCAAGCTGCTTTATTCAGATGACGCTTCTGTTGAATGTTAATTAATTAATTAAT 180

QY 6092 AACATGTAATTAAGCATTATTAATTAAT- - -GTGCTTAATAATAGAGGAGATC 6146
DB 181 AACATGTAATTAAGCATTATTAATTAATTAATAGGCTTAATATAGAGGAGATC 240

QY 6147 TGGACAGCTAGCAACATCAAAATTCGATGATGGAATGCAAGAGCTTAAGTATCCAT 6206
DB 241 TGGACAGCTAGCAACATCAAAATTCGATGATGGAATGCAAGAGCTTAAGTATCCAT 300

QY 6207 AATTATAGCAAAACTATTTGATGAGTTGAACATGATACACAGGTAATTTTAA 6266
DB 301 AATTATAGCAAAACTATTTGATGAGTTGAACATGATACACAGGTAATTTTAA 360

QY 6267 TTAACGAAACAATTTATTTATTTACTCTTAAATCACTTATCAATTTAAACCTT 6326
DB 361 TTAACGAAACAATTTATTTATTTACTCTTAAATCACTTATCAATTTAAACCTT 420

QY 6327 GAGATTC 6333
DB 421 GAGATTC 427

RESULT 13
BE434998 535 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS BE434998/c
DEFINITION EST406076 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
ACCESSION BE434998
VERSION BE434998.1 GI:9432841

KEYWORDS EST.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
REFERENCE
1 (bases 1 to 535)
Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E., Nian,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Konning,C.M., Nierman,M., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and Tanksley,S.D.
Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
Unpublished (2000)
Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES
source
1..535
Location/Qualifiers
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="CLEG24N5"
/tissue_type="pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_lib="tomato breaker fruit, TIGR"
/note="Vector: pBluescriptSkmdadapc; Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.3%; Score 391.8; DB 2; Length 535;
Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 4.1e-47;
Matches 396; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTAAAAATGTGTATGAAATATCAAGGCAAGTCA 6844
DB 403 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTAAAAATGTGTATGAAATATCAAGGCAAGTCA 344

QY 6845 ACAAAAGTGGCCATTAATTTGATTGACGACAACTTCCATGGAAGAAATTAATG 6904
DB 343 ACAAAAGTGGCCATTAATTTGATTGACGACAACTTCCATGGAAGAAATTAATG 284

QY 6905 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAGAAACCATCAGAGGCTACGTGCAAAATGTC 6964
DB 283 GAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAGAAACCATCAGAGGCTACGTGCAAAATGTC 224

QY 6965 CATTTTACATAGCTGGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTTCAGAGAT 7024
DB 223 CATTTTACATAGCTGGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTTCAGAGAT 164

QY 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7084
DB 163 GAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 104

QY 7085 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7144
DB 103 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 44

QY 7145 TTGAAGTTTAAATGAAGTACTATGATTTTCTATTTCTAGTC 7187
DB 43 TTGAAGTTTAAATGAAGTACTATGATTTTCTATTTCTAGTC 1

RESULT 14
AM442198 600 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS AM442198

DEFINITION	EST311594 tomato fruit red ripe, TAMU Lycopersicon esculentum CDNA
ACCESSION	AM442198
VERSION	AM442198.1
KEYWORDS	GI:6977449
SOURCE	EST.
ORGANISM	Lycopersicon esculentum (tomato)
REFERENCE	Lycopersicon esculentum
AUTHORS	Eukaryota, Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophytes; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; Lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 600)
TITLE	Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matero,A.L., Holt,I.E., Liang,F., Upson,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ahn,S., and Romling,C.M., Fraser,C.M., Martin,G.B., Tanksley,S.D. and Giovannoni,J.
JOURNAL	Generation of ESTs from tomato fruit tissue
COMMENT	Unpublished (1999) Contact: CUGI Clemson University Genomics Institute Clemson University 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html 5 prime sequence.
FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..600 /organism="Lycopersicon esculentum" /mol_type="mRNA" /cultivar="TA496" /db_xref="taxon:4081" /clone="cLEN21H16" /tissue_type="pericarp" /dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)" /clone_1lb="tomato fruit red ripe, TAMU" /note="Vector: pBluescript SK(-); Site 1: Rcor1; Site 2: Xho1; supplier: Giovannoni; Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."
ORIGIN	
Query Match	5.2%; Score 387.2; DB 2; Length 600;
Best Local Similarity	99.2%; Pred. No. 1.9e-46;
Matches 389; Conservative	0; Mismatches 3; Indels 0; Gaps 0;
QY	6785 CAGTTTACGACGTTCAAGTGAAAAATGTGTGATGAGAAATATCAAGGCGACAAGTCA 6844
DB	209 CAGTTTACGACGTTCAAGTGAAAAATGTGTGATGAGAAATATCAAGGCGACAAGTCA 268
QY	6845 ACAAAGGCGCATTAATTGATGTGCGCAAACTTTCATGTGAAGAAATTAATG 6900
DB	269 ACAAAGGCGCATTAATTGATGTGCGCAAACTTTCATGTGAAGAAATTAATG 328
QY	6905 GAGAAATAAATTTAGTGGGGAAGTGGAAAAACATCAGAGGCTACGTCGAAAAATGTC 6964
DB	329 GAGAAATAAATTTAGTGGGGAAGTGGAAAAACATCAGAGGCTACGTCGAAAAATGTC 388
QY	6965 CATTTTAAACAATGCTGAACATGTTCACACACACTGCACCTTCATGAAATTTACAGAGAT 7024
DB	389 CATTTTAAACAATGCTGAACATGTTCACACACACTGCACCTTCATGAAATTTACAGAGAT 448
QY	7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTTATCTATGATCTTCAATATATAGCAGATATGA 7084
DB	449 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTTATCTATGATCTTCAATATATAGCAGATATGA 508
QY	7085 TATATCACAATTAACAATCTATATCTATGTGATTAATTAATTAATTAATTAATGATGCGGA 7144
DB	509 TATATCACAATTAACAATCTATATCTATGTGATTAATTAATTAATTAATTAATGATGCGGA 568
QY	7145 TTGAAGTTTATATAAGACTACTATGATTTCTT 7176

Db	569	TTGAAGTTTAAATAACTACTATGTAATTCCT	600
RESULT 15			
LOCUS	AM222707/c		
DEFINITION	AM222707	370 bp	mRNA linear EST 18-MAY-2001
ACCESSION	EST299518	tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA clone cLE915, mRNA sequence.	
VERSION	AM222707		
KEYWORDS	AM222707.1	GI:6534391	
SOURCE	EST.		
ORGANISM	Lycopersicon esculentum (tomato)		
REFERENCE	Lycopersicon esculentum		
AUTHORS	Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophytes; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 370)		
	Alcala, J., Vrebalov, J., White, R., Matern, A.L., Holt, I.E., Liang, F., Upcon, J., Hansen, T., Craven, M.B., Bowman, C.L., Ahn, S., Romling, C.M., Fraser, C.M., Martin, G.B., Tanksey, S.D. and Giovannoni, J.		
	Generation of ESTs from tomato fruit tissue unpublished (1999)		
TITLE	CONTACT: CUGI		
JOURNAL	Clemson University Genomics Institute		
COMMENT	Clemson University 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html 5 prime sequence.		
FEATURES	Location/Qualifiers		
source	1..370		
	/organism="Lycopersicon esculentum"		
	/mol_type="mRNA"		
	/culivar="TA496"		
	/db_xref="taxon:4081"		
	/clone="cLE915"		
	/tissue_type="pericarp"		
	/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"		
	/clone_1lb="tomato fruit red ripe, TMU"		
	/note="Vector: pBluescript SK(-); Site 1: BclRI; Site 2: XhoI; supplier: Giovannoni. Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopen accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."		
ORIGIN			
Query Match	4.9%; Score 365.2; DB 2; Length 370;		
Best Local Similarity	99.2%; Pred. No. 3.1e-43;		
Matches 367;	Conservative 0; Mismatches 3; Indels 0; Gaps 0;		
Db	6880	CTTTCATGTGACGAATTAATGAGAAATTAATTTAGTAGGAGAAAGTGAAAAC	6939
	370	CTTTCATGTGACGAATTAATGAGAAATTAATTTAGTAGGAGAAAGTGAAAAC	311
Db	6940	ATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTCATTTTAACAATGCTGACATGTTACACACACTG	6999
	310	ATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTCATTTTAACAATGCTGACATGTTACACACACTG	251
Db	7000	CACCTCACTGAATTTACAGAGATGAGAGCTCTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA	7059
	250	CACCTCACTGAATTTACAGAGATGAGAGCTCTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA	191
Db	7060	GATCTCAATTAATGACGATATATATATACACATTAACAAATCTATCTATGATGATG	7119
	190	GATCTCAATTAATGACGATATATATATATATATATATATATATATATATATATGATG	131
Db	7120	AATTAATTAATTAATTAATGATGAGATGAAAGTTTAATTAAGACTGATGATGATTTCTAT	7179

```
Db      130 AATTAATTATTATAATATGACGATGAGTTTAAATAGACTAGTATTCTAAT 71
Qy      7180 TTCTAGTCAAAAGTTTGACGATTGACTTTTAAATGACAAAATATTAATGCTAAT 7239
Db      70 TTCTAGTCAAAAGTTTGACGATTGACTTTTAAATGACAAAATATTAATGCTAAT 11
Qy      7240 TATATGATGT 7249
Db      10 TATATGATGT 1
```

Search completed: March 1, 2005, 17:32:41
Job time : 20548 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 28, 2005, 19:55:28 ; Search time 30355 Seconds
(without alignment)
11901.897 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctctaaagcaagcaaa.....accgagtgaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4708233 seqs, 24227607955 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 9416466

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:*
1: gb ba:*
2: gb hcg:*
3: gb_in:*
4: gb_om:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_pl:*
9: gb_pr:*
10: gb_ro:*
11: gb_str:*
12: gb_sy:*
13: gb_un:*
14: gb_vl:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	7456	100.0	7456	8 LEPOLYGA	X14074 Tomato gene
2	7456	100.0	7456	8 TOMPGAA	M37304 Tomato poly
3	2167	29.1	7471	8 BCCCHRAF	L47242 Capsicum an
4	2024	27.1	2207	8 LEPG5	X07410 Lycopersico
5	2020.8	27.1	2207	8 LEPG5	109042 Sequence 5
6	462	6.2	1636	6 A24194	A24194 L.esculentu
7	462	6.2	1636	6 AR364905	AR364905 Sequence
8	461	6.2	1617	6 LEPGR	X05656 Tomato mRNA
9	461	6.2	1621	6 A15981	A15981 L.esculentu
10	461	6.2	1621	6 AX062336	AX062336 Sequence
11	461	6.2	1621	6 LEPG2AR	X04583 Tomato mRNA
12	459.4	6.2	1624	6 101809	101809 Sequence 1
13	348.8	4.7	414	8 TOMPGA	M20269 L.esculentu
14	331.8	4.5	8056	6 AX599046	AX599046 Sequence
15	328.8	4.4	8056	6 AX599046	AX599046 Sequence
16	280.6	3.9	121637	8 AC122544	AC122544 Genomic B
17	284.2	3.8	1663	8 STU91987	STU91987 Solanum tub
18	273.4	3.7	51952	6 AR110591	AR110591 Sequence
19	273.4	3.7	51953	8 LEU81378	LEU81378 Lycopersico

20	272	3.6	4601	3 DMU11584	U11584 Drosophila
21	272	3.6	19517	3 DMU37541	U37541 Drosophila
22	271.6	3.6	4459	8 AF043122	AF043122 Lycopersi
23	270.4	3.6	5497	8 LEPG380	AJ006380 Lycopersi
24	269.6	3.6	121637	8 AC122544	AC122544 Genomic B
25	268	3.6	4459	8 AF043122	AF043122 Lycopersi
26	256.4	3.4	19517	3 DMU37541	U37541 Drosophila
27	253	3.4	4601	3 DMU11584	U11584 Drosophila
28	252	3.4	252	8 S7380751	S7380751 Lycopersi
29	243.6	3.3	35250	8 AY007366	AY007366 Lycopersi
30	241	3.2	5197	8 LEPG379	AJ006379 Lycopersi
31	240.2	3.2	169546	2 AC004157	AC004157 Plasmodu
32	237.6	3.2	15421	3 PFCOMP1RA	X95275 P.falciparu
33	237.6	3.2	104992	2 AC005504	AC005504 Plasmodu
34	237.6	3.2	250421	2 AE014849	AE014849 Plasmodu
35	233.8	3.1	76568	3 MBREV	AF538053 Monosiga
36	232	3.1	76568	3 MBREV	AF538053 Monosiga
37	229.8	3.1	86826	3 PFMAL3P5	AL034556 Plasmodu
38	228.4	3.1	7456	8 LEPOLYGA	X14074 Tomato gene
39	228.4	3.1	7456	8 TOMPGAA	M37304 Tomato poly
40	226.6	3.0	349751	3 PFMAL4P3	AL034476 Plasmodu
41	222	3.0	222	8 S7380752	S7380752 Lycopersi
42	218.2	2.9	14001	3 PFCOMP1RB	X95276 P.falciparu
43	216.6	2.9	14867	3 AE001398	AE001398 Plasmodu
44	216.6	2.9	349980	6 AX344555	AX344555 Sequence
45	215.6	2.9	2207	6 109042	109042 Sequence 5

ALIGNMENTS

RESULT 1
LEPOLYGA
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNAL
FEATURES
SOURCE

LEPOLYGA 7456 bp DNA linear PLN 09-MAY-1995
Tomato gene for cell wall degrading polygalacturonase.
X14074
X14074.1 GI:19305
polygalacturonase.
Lycopersicon esculentum (tomato)
Lycopersicon esculentum
Lycopersicon esculentum

Enkaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamids; Solanales; Solanales; Solanales; Lycopersicon.
1 (bases 1 to 7456)
Bird,C.R., Morris,C.J., Ray,J.A., Moureau P., Bevan,M.W., Bird,A.S.,
Hughes,S., Morris,P.C., Grierson,D. and Schuch,W.
The tomato polygalacturonase gene and ripening-specific expression
in transgenic plants
Plant Mol. Biol. 11, 651-662 (1988)
location/Qualifiers
1. 7456
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Alisa Craig"
/db_xref="taxon:4081"
/clone_lib="lambda EMBL3"
877..504
/note="direct repeat 1"
908..935
/note="direct repeat 1"
1326..1335
1342..1347
1400..1403
1411..7244
/note="primary transcript"
1411..1757
/number=1
1431..1435
join(1479..1757,2416..2547,3327..3491,3696..3716,
4260..4467,4567..4646,5602..5710,6139..6255,6788..7048)
/codon_start=1
/product="polygalacturonase"
/protein_id="CAA32235.1"

```
/db_xref="GI:295813"
/db_xref="GOA:P05117"
/translation="W10KNSILLI1/FASISICRSNVIDNLFKQVNDLIEOEF
ADFPAYLSYKSNIESNNNDKVDKNGIKYINVLSPKAGDKTYDIAEOMNEA
CSSRPVQVFNKNRYLLKQITFSGPCRSISVKI FGLSEASSKISYKORLMTAF
DSVQMLVVGGGTTLNGQVWMPSSCKINKSLPCBDAPTLJFMNCKKLKYNLKSXY
AQOIHIFKESCTTNVNASNLMITNASKSPNTDGVHVSNTVOIISDTIIGTDDCISY
SGSONVQNTITCGPHGISIGSISGSEANVSNTVNEAKITGAENGARIKWOOGS
SGAONIKETINEMODVYKPIIIDNTCDRVEPCIQPSAVQVKNVYENIKGTSATK
VAIKDCSTNFPCEGIIMENINLVGESKSPBATCKVNFNNAEHVTPEHSTLSIED
EALILNY"
intron
1758..2415
/number=1
exon
2416..2547
/number=2
intron
2548..3326
/number=2
exon
3327..3491
/number=3
intron
3492..3695
/number=3
exon
3696..3716
/number=4
intron
3717..4259
/number=4
exon
4260..4467
/number=5
intron
4468..4566
/number=5
exon
4567..4648
/number=6
intron
4649..5601
/number=6
exon
5602..5710
/number=7
intron
5711..6138
/number=7
exon
6139..6255
/number=8
intron
6256..6787
/number=8
exon
6788..7244
/number=9
polysite
7244
ORIGIN
Query Match 100.0%; Score 7456; DB 8; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7456; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
```

```
Db
301 AAAATACATGCGCTCAAAATATTAAATTAATTAATTAATGAATATCAATTAATAACCA 360
Qy
361 ACCAATACCAACTCAATTAATCAATTAATCCGACCCAAATTCATCATATAATTCCT 420
Db
361 ACCAATACCAACTCAATTAATCAATTAATCCGACCCAAATTCATCATATAATTCCT 420
Qy
421 AAACACTACTAAACAAGAAATGTCGAGTCCGAATCGAAGCACCACATCTAATTTA 480
Db
421 AAACACTACTAAACAAGAAATGTCGAGTCCGAATCGAAGCACCACATCTAATTTA 480
Qy
481 GGTGAGCGGCATATTAGAGAGACCTTGCAATAGATTTTTTCAACATGAATTGA 540
Db
481 GGTGAGCGGCATATTAGAGAGACCTTGCAATAGATTTTTTCAACATGAATTGA 540
Qy
541 AATTTAAGATTATGTTAAGAAGATAGTACACCCGAATTAATTCAGCTTTTAAATA 600
Db
541 AATTTAAGATTATGTTAAGAAGATAGTACACCCGAATTAATTCAGCTTTTAAATA 600
Qy
601 TAATTTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATTAATAACTGAATATATATTTTAA 660
Db
601 TAATTTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATTAATAACTGAATATATATTTTAA 660
Qy
661 AAAAATTTATCTATTAGTACATCATATTAATGAGAGAAATTAATTAAGTAACTA 720
Db
661 AAAAATTTATCTATTAGTACATCATATTAATGAGAGAAATTAATTAAGTAACTA 720
Qy
721 GTGTTAATTAATTAATGATGAGTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
Db
721 GTGTTAATTAATTAATGATGAGTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
Qy
781 TTATTAACAAATTTTGAAGCGCATGATTTTAAAAAATTAATTAAGTTGAATTA 840
Db
781 TTATTAACAAATTTTGAAGCGCATGATTTTAAAAAATTAATTAAGTTGAATTA 840
Qy
841 ACCGTTAATTAATGTCATTTTGAACCCAAAGTGAAGAGGTAATTTTGAAGCC 900
Db
841 ACCGTTAATTAATGTCATTTTGAACCCAAAGTGAAGAGGTAATTTTGAAGCC 900
Qy
901 AATAGGGGATGAGAGAGATTTTGAAGCCAAATGATGATGATGATGATGATGATG 960
Db
901 AATAGGGGATGAGAGAGATTTTGAAGCCAAATGATGATGATGATGATGATGATG 960
Qy
961 ATCATTTCTAATTAATTAATTAATTTTGAAGTATTTTCCCTCTTAATTAATTA 1020
Db
961 ATCATTTCTAATTAATTAATTAATTTTGAAGTATTTTCCCTCTTAATTAATTA 1020
Qy
1021 TAGTGTAGTTCATGCAATATCATTTATTTTCCGCTTAATTAATTTTATTA 1080
Db
1021 TAGTGTAGTTCATGCAATATCATTTATTTTCCGCTTAATTAATTTTATTA 1080
Qy
1081 AATTTTAAAAAATTAATTTTTCATTTTTCATTTTTCATTTTTCATTTTTCATTT 1140
Db
1081 AATTTTAAAAAATTAATTTTTCATTTTTCATTTTTCATTTTTCATTTTTCATTT 1140
Qy
1141 TTACCAACATTAATTAATTTTAAATTTTAAACAAGATTTGAACATTAATTTTAA 1200
Db
1141 TTACCAACATTAATTAATTTTAAATTTTAAACAAGATTTGAACATTAATTTTAA 1200
Qy
1201 TTATTTCAAAATTAATTTTAAATTTTAAACATCATTAATTAATTAATTAATTA 1260
Db
1201 TTATTTCAAAATTAATTTTAAATTTTAAACATCATTAATTAATTAATTAATTA 1260
Qy
1261 GGGAGAGACAGAGCAGACAAAATGTCAGAGAACTCTTGCTTAATTAATTCATC 1320
Db
1261 GGGAGAGAGACAGAGCAGACAAAATGTCAGAGAACTCTTGCTTAATTAATTCATC 1320
Qy
1321 CAAACTAATTAATTAATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1380
Db
1321 CAAACTAATTAATTAATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1380
Qy
1381 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440
Db
1381 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440
```

1441 TAGACAAGTTTAAAAACCATACATATACATATATCATGTTATCCAAAGAAATAGTA 1500
1441 TAGACAAGTTTAAAAACCATACATATACATATATCATGTTATCCAAAGAAATAGTA 1500
1501 TTCTCCTTCATCATATATATTTTGGCTCATCAATTTCAACTGTGTAGAAGCAATGTATG 1560
1501 TTCTCCTTCATCATATATATTTTGGCTCATCAATTTCAACTGTGTAGAAGCAATGTATG 1560
1501 TTCTCCTTCATCATATATATTTTGGCTCATCAATTTCAACTGTGTAGAAGCAATGTATG 1560
1561 ATGACATATTTATCAACCAAGTTATGATATATTTCTTGAACAAGATTTGCTCATGAT 1620
1561 ATGACATATTTATCAACCAAGTTATGATATATTTCTTGAACAAGATTTGCTCATGAT 1620
1621 TTCAAGCTTATCTTCTTATTTGAGCAAAAATATTTGAAGCAACATATATTTGACAAG 1680
1621 TTCAAGCTTATCTTCTTATTTGAGCAAAAATATTTGAAGCAACATATATTTGACAAG 1680
1681 TTGATAAAAATGGGATTTAAAGTATATGTAAGTCTTGAAGCTTAAAGGCTGATGAA 1740
1681 TTGATAAAAATGGGATTTAAAGTATATGTAAGTCTTGAAGCTTAAAGGCTGATGAA 1740
1741 AAACATATGATATATTTGTAAGTATTTAAATTTGGAATATTTTGGGGATGAAATG 1800
1741 AAACATATGATATATTTGTAAGTATTTAAATTTGGAATATTTTGGGGATGAAATG 1800
1801 ATAGAGATATTAAGATTTATTTGGAAGGATGAAAGTTATTTTATTAAGTAAAGTAA 1860
1801 ATAGAGATATTAAGATTTATTTGGAAGGATGAAAGTTATTTTATTAAGTAAAGTAA 1860
1861 ATTTTTCGTTTTAGTATTAAGGTGAAATGAGTTTCTGTTAAGCGAAGAAAGCTAT 1920
1861 ATTTTTCGTTTTAGTATTAAGGTGAAATGAGTTTCTGTTAAGCGAAGAAAGCTAT 1920
1921 TTTTCATGTAAGTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 1980
1921 TTTTCATGTAAGTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 1980
1981 AAGAAATAGACATATTTATTTGATGATTTAGTGTGCAAAAAGAAATGATGTAATTTG 2040
1981 AAGAAATAGACATATTTATTTGATGATTTAGTGTGCAAAAAGAAATGATGTAATTTG 2040
2041 CTTAATATTAATCAATTTCTTATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCTAT 2100
2041 CTTAATATTAATCAATTTCTTATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCTAT 2100
2101 CCAATTAAGTGGGCTCTAGAAATTAAGATTAAGTCTTATCAATTTCTTAACTTAT 2160
2101 CCAATTAAGTGGGCTCTAGAAATTAAGATTAAGTCTTATCAATTTCTTAACTTAT 2160
2161 TTTAGTGGAAACCTCGAACAAGAAAGAAAGAAAGCTTATTAATTTGGAATTTG 2220
2161 TTTAGTGGAAACCTCGAACAAGAAAGAAAGAAAGCTTATTAATTTGGAATTTG 2220
2221 AGACCAACATATGAAACCTCACACATGATATAGTCTTAATATTAATTTTCTA 2280
2221 AGACCAACATATGAAACCTCACACATGATATAGTCTTAATATTAATTTTCTA 2280
2281 AAAAATATCTTCAATCTACCATATGAAATTTGAAAAATGACTTTTATTCCTATGACA 2340
2281 AAAAATATCTTCAATCTACCATATGAAATTTGAAAAATGACTTTTATTCCTATGACA 2340
2341 CATATATCAAGATTTCTTTTAAAGAAATTTACACATTTTGGATTTTCTATCGGTT 2400
2341 CATATATCAAGATTTCTTTTAAAGAAATTTACACATTTTGGATTTTCTATCGGTT 2400
2401 AAAATATCTTTCAGGATTTGAGCAAGCATGATGAAAGATGTTATCTAGAAACCT 2460
2401 AAAATATCTTTCAGGATTTGAGCAAGCATGATGAAAGATGTTATCTAGAAACCT 2460
2461 GTTCAATTTTGTGTTCTTAAAAACCAAGAAATATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTGAG 2520
2461 GTTCAATTTTGTGTTCTTAAAAACCAAGAAATATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTGAG 2520

2521 CCATGCAATCTTCTATTTCAAGTAAAGTTAGCATATGATATTTATCTCTTGT 2580
2521 CCATGCAATCTTCTATTTCAAGTAAAGTTAGCATATGATATTTATCTCTTGT 2580
2581 AGCAATATATTTCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAATTAACAAAGATGATTAACA 2640
2581 AGCAATATATTTCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAATTAACAAAGATGATTAACA 2640
2641 TGAATTTTGTCTATTTAGGGAATTTAGGGAATTTCAAAATGTTATGTTAGCTA 2700
2641 TGAATTTTGTCTATTTAGGGAATTTAGGGAATTTCAAAATGTTATGTTAGCTA 2700
2701 TGAGCAACTTATGATGATTTAGTATGATGAAAGTTTGAATGCTTATTTTATTTT 2760
2701 TGAGCAACTTATGATGATTTAGTATGATGAAAGTTTGAATGCTTATTTTATTTT 2760
2761 TGTAGTAAAGATTTTGAACACATGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATG 2820
2761 TGTAGTAAAGATTTTGAACACATGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATG 2820
2821 TCAATGATAGTCTCAACTAAAGAACTGCAAAAGAAATTAAGAAATTTATTTT 2880
2821 TCAATGATAGTCTCAACTAAAGAACTGCAAAAGAAATTAAGAAATTTATTTT 2880
2881 TAAATTAATTTAAAAAGAAATATGAGAAATTAATTAATTAAGGAGATATTAACATA 2940
2881 TAAATTAATTTAAAAAGAAATATGAGAAATTAATTAATTAAGGAGATATTAACATA 2940
2941 TCTATGGGATTAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3000
2941 TCTATGGGATTAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3000
3001 GTCTCAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3060
3001 GTCTCAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3060
3061 GTGGGGATGATGATCCAGAGATTTGTTCCAGACTCTTGTCTTAAAAAAATGTTTCT 3120
3061 GTGGGGATGATGATCCAGAGATTTGTTCCAGACTCTTGTCTTAAAAAAATGTTTCT 3120
3121 AAATTAATTAAGTAAAGAAATGTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3180
3121 AAATTAATTAAGTAAAGAAATGTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3180
3181 AAATTAATTAAGTAAAGAAATGTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3240
3181 AAATTAATTAAGTAAAGAAATGTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3240
3241 TTTAGTGGCTTTGTTTCAATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3300
3241 TTTAGTGGCTTTGTTTCAATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3300
3301 TATTTTTTTGAAATTAATTAATGATTTTGGATCTTTAGAAAGCATGATTAATTT 3360
3301 TATTTTTTTGAAATTAATTAATGATTTTGGATCTTTAGAAAGCATGATTAATTT 3360
3361 CAGACTTAAGAAATGAAAGCTTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 3420
3361 CAGACTTAAGAAATGAAAGCTTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 3420
3421 GAGGAGAGGAATCAATGATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGA 3480
3421 GAGGAGAGGAATCAATGATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGA 3480
3481 ATTAATCACTGATATTTTAACTTTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3540
3481 ATTAATCACTGATATTTTAACTTTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3540
3541 TTTTAACTTTCTTAAAGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3600
3541 TTTTAACTTTCTTAAAGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3600
3601 TTAGAGATTCGACCAATATTTAGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3660
3601 TTAGAGATTCGACCAATATTTAGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3660

```
Db 3601 TTAGAAATCCGACCAATATAGTTTATGTAATCTAATTTTCAGAGACTTTGGCTTG 3660
Qy 3661 TACTGATCATTTGTACCTTTTCTTCATGAGCAGCATGCGAGATGACAAAGGTAC 3720
Db 3661 TACTGATCATTTGTACCTTTTCTTCATGAGCAGCATGCGAGATGACAAAGGTAC 3720
Qy 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGTATMAAAAAAGCCTAAATATATTTGAATTTAATGA 3780
Db 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGTATMAAAAAAGCCTAAATATATTTGAATTTAATGA 3780
Qy 3781 AAGGTATATATTTCTTAACTTTGGGCGAGACTATTAACCCCTGCATTTAATAGT 3840
Db 3781 AAGGTATATATATTTCTTAACTTTGGGCGAGACTATTAACCCCTGCATTTAATAGT 3840
Qy 3841 GTATTTAAAGATATPAAAGGTGTTAGTTGAACAAAATTTAGATTTCAAAAATCTTT 3900
Db 3841 GTATTTAAAGATATPAAAGGTGTTAGTTGAACAAAATTTAGATTTCAAAAATCTTT 3900
Qy 3901 TGAATAATTCATTAATTCGCAATTTTTCATATCAATATGATTTAAAAATATTTAGTTA 3960
Db 3901 TGAATAATTCATTAATTCGCAATTTTTCATATCAATATGATTTAAAAATATTTAGTTA 3960
Qy 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTPAAATAAATCAATGACAAACAATAGTAGACGAGAAA 4020
Db 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTPAAATAAATCAATGACAAACAATAGTAGACGAGAAA 4020
Qy 4021 GTATPAAACAATACCTCTTCAAGTGAATTCGATTCACACACCTCAAAACCTACGTT 4080
Db 4021 GTATPAAACAATACCTCTTCAAGTGAATTCGATTCACACACCTCAAAACCTACGTT 4080
Qy 4081 TTCTTCGATTTATATTTCTTATTTCTTTTAAATAGTAATCAAAAGGCTATAGTCTGTCAA 4140
Db 4081 TTCTTCGATTTATATTTCTTATTTCTTTTAAATAGTAATCAAAAGGCTATAGTCTGTCAA 4140
Qy 4141 AATCTATACATTTGAAACTCTATCTTGAACGCTCGTACATTTGAGATTCGTGAACAATG 4200
Db 4141 AATCTATACATTTGAAACTCTATCTTGAACGCTCGTACATTTGAGATTCGTGAACAATG 4200
Qy 4201 GATGAATGATTTATTTAACTTTGTAATTTAAATTTAAATGTTTAAATTTTCAGG 4260
Db 4201 GATGAATGATTTATTTAACTTTGTAATTTAAATTTAAATGTTTAAATTTTCAGG 4260
Qy 4261 CCTTAACCTCTGGAATTTGCAAAAATTTGAAAGTAATCTPAAAGAGTAAAAATGCAAC 4320
Db 4261 CCTTAACCTCTGGAATTTGCAAAAATTTGAAAGTAATCTPAAAGAGTAAAAATGCAAC 4320
Qy 4321 AACCAATTCATPACAAATTTGAGTCATGACATAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
Db 4321 AACCAATTCATPACAAATTTGAGTCATGACATAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
Qy 4381 ATGCTTCAGCAAGAGCCCAATCTGATGAGAGTCCATGATCAAAATPCTCAATATATTC 4440
Db 4381 ATGCTTCAGCAAGAGCCCAATCTGATGAGAGTCCATGATCAAAATPCTCAATATATTC 4440
Qy 4441 AAAATATCTGATCTATATTTATGAAACAGTTTATTTATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 4500
Db 4441 AAAATATCTGATCTATATTTATGAAACAGTTTATTTATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 4500
Qy 4501 AATTAATCTGATCTATATTTATGAAACAGTTTATTTATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 4560
Db 4501 AATTAATCTGATCTATATTTATGAAACAGTTTATTTATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 4560
Qy 4561 TTATAGTATGATTTGATTTCAATGTTCTGAGATTCGAAATGTCAGGCGCAAAATA 4620
Db 4561 TTATAGTATGATTTGATTTCAATGTTCTGAGATTCGAAATGTCAGGCGCAAAATA 4620
Qy 4621 TTACTTTGAGTCCAGGTCAATGATTAAGGTAATTTTAAATATATCTTTGATTTTCAAT 4680
Db 4621 TTACTTTGAGTCCAGGTCAATGATTAAGGTAATCTATTTTAAATATATCTTTGATTTTCAAT 4680
Qy 4681 TTCTCTATTTGATTAAGGTAATGATGATTAATTAATTTTAAATCTTTAATTAAT 4740
Db 4681 TTCTCTATTTGATTAAGGTAATGATGATTAATTAATTTTAAATCTTTAATTAAT 4740
Db 4681 TTCTCTATTTGATTAAGGTAATGATGATTAATTAATTTTAAATCTTTAATTAAT 4740
Qy 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTTGTCTTTATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 4800
Db 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTTGTCTTTATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 4800
Qy 4801 TTTGATTTGAGGCAATPAAAGACCTTTAAAAAGTACTTTTAAAGTGTGAACCTATT 4860
Db 4801 TTTGATTTGAGGCAATPAAAGACCTTTAAAAAGTACTTTTAAAGTGTGAACCTATT 4860
Qy 4861 TTTAAATATAGCAGTATCGGTTTGAATPAAAGTGTGAAGTGTGAATGATTAATGATTAAT 4920
Db 4861 TTTAAATATAGCAGTATCGGTTTGAATPAAAGTGTGAAGTGTGAATGATTAATGATTAAT 4920
Qy 4921 AAGGAAAAATGGAAGAAAAATGTTAGGTTATATGAGTTATTTGATTAATTAATTAATTA 4980
Db 4921 AAGGAAAAATGGAAGAAAAATGTTAGGTTATATGAGTTATTTGATTAATTAATTAATTA 4980
Qy 4981 AGCAAAAAAGATPAAATATGAGTCAACTTAACCACTTAATAGCTACCTACCTAC 5040
Db 4981 AGCAAAAAAGATPAAATATGAGTCAACTTAACCACTTAATAGCTACCTACCTACCTAC 5040
Qy 5041 CCAGCTTTTAACTTTTGGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5100
Db 5041 CCAGCTTTTAACTTTTGGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5100
Qy 5101 TTGAGATTTGCCAAAGAGCTTAATTAATGCAAAACCACTTTTAAGTCAGTTGACGAGC 5160
Db 5101 TTGAGATTTGCCAAAGAGCTTAATTAATGCAAAACCACTTTTAAGTCAGTTGACGAGC 5160
Qy 5161 TTTTAAAGTGAGCCAAACAGGCTCTTAAATGTCGCTTAATAGTGCATATATTTTGA 5220
Db 5161 TTTTAAAGTGAGCCAAACAGGCTCTTAAATGTCGCTTAATAGTGCATATATTTTGA 5220
Qy 5221 GCTTTTAAAGTATATTTATCTTAAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 5280
Db 5221 GCTTTTAAAGTATATTTATCTTAAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 5280
Qy 5281 CACATATGTTAATGAAAGAGCAATGATTAATTTTGGCAATTTGATTAATGATTAATGATTAAT 5340
Db 5281 CACATATGTTAATGAAAGAGCAATGATTAATTTTGGCAATTTGATTAATGATTAATGATTAAT 5340
Qy 5341 GAAAAAGATAGTTCAAAAGTATCAATTTCAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 5400
Db 5341 GAAAAAGATAGTTCAAAAGTATCAATTTCAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 5400
Qy 5401 TGAAGATCAATTAATGAGGATCAAAATGTTATTAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAAT 5460
Db 5401 TGAAGATCAATTAATGAGGATCAAAATGTTATTAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAAT 5460
Qy 5461 TTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5520
Db 5461 TTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5520
Qy 5521 TTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5580
Db 5521 TTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5580
Qy 5581 TTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5640
Db 5581 TTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5640
Qy 5641 GTCTAATGTTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5700
Db 5641 GTCTAATGTTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5700
Qy 5701 GACTTGGCAGGTAACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCCATTTTAAATTTT 5760
Db 5701 GACTTGGCAGGTAACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCCATTTTAAATTTT 5760
Qy 5761 TTTAAATTTTAAATTTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5820
Db 5761 TTTAAATTTTAAATTTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5820
```


QY 5821 ATTGGATAAGATGATATTCTAGCTTCTATGTTATAGAAAAAATGTCAG 5880
 Db 5821 ATTGGATAAGATGATATTCTAGCTTCTATGTTATAGAAAAAATGTCAG 5880
 QY 5881 AACTTCAGATTATTGACTGTAAGTGAATGTCCTTGTGTTAAGAGTTGGT 5940
 Db 5881 AACTTCAGATTATTGACTGTAAGTGAATGTCCTTGTGTTAAGAGTTGGT 5940
 QY 5941 TTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAACTTATATGAAAAAGGGCTGCACGGCCG 6000
 Db 5941 TTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAACTTATATGAAAAAGGGCTGCACGGCCG 6000
 QY 6001 GCCCAGTGTGATGATCAATAGGAAGATCTCAGCTGTGTTATTGAGATGACGTTCT 6060
 Db 6001 GCCCAGTGTGATGATCAATAGGAAGATCTCAGCTGTGTTATTGAGATGACGTTCT 6060
 QY 6061 TGGTGAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
 Db 6061 TGGTGAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
 QY 6121 TGTGCTTATTAATGTAAGGAGATCTGACAAAGCTAGCAACATCAAAATTTCTGAATG 6180
 Db 6121 TGTGCTTATTAATGTAAGGAGATCTGACAAAGCTAGCAACATCAAAATTTCTGAATG 6180
 QY 6181 GAATGCAAGAGCTTAAGTATCCATTAATTAAGACCAAACTATGTCAGATTGAA 6240
 Db 6181 GAATGCAAGAGCTTAAGTATCCATTAATTAAGACCAAACTATGTCAGATTGAA 6240
 QY 6241 CCATGTAATACAGAGTAATTTTATTAAGAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6300
 Db 6241 CCATGTAATACAGAGTAATTTTATTAAGAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6300
 QY 6301 AATTCACCTTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6360
 Db 6301 AATTCACCTTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6360
 QY 6361 AGATTTTATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6420
 Db 6361 AGATTTTATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6420
 QY 6421 TGGACATATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6480
 Db 6421 TGGACATATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6480
 QY 6481 TTATTAATCTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6540
 Db 6481 TTATTAATCTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6540
 QY 6541 AGAAACATATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6600
 Db 6541 AGAAACATATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6600
 QY 6601 TCAATCATGACTACACAAAGAAATACATGACAGATTCTCAAAACATATATGATGAAGTCATTT 6660
 Db 6601 TCAATCATGACTACACAAAGAAATACATGACAGATTCTCAAAACATATATGATGAAGTCATTT 6660
 QY 6661 CAAAACGAATCAAAATATATGATGATATCTTAAAGAGAGCATTTGGGTAATTAAGTA 6720
 Db 6661 CAAAACGAATCAAAATATATGATGATATCTTAAAGAGAGCATTTGGGTAATTAAGTA 6720
 QY 6721 AAAATCATTAAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6780
 Db 6721 AAAATCATTAAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6780
 QY 6781 GTTCCAGATTTCAGACAGTTCAGTGAAGAAATGTCGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAG 6840
 Db 6781 GTTCCAGATTTCAGACAGTTCAGTGAAGAAATGTCGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAG 6840
 QY 6841 TGCACAAAGAGTGGCCATTAATTTGATTTGACAGACAAACTTTCCATGTAAGAAATTAAT 6900
 Db 6841 TGCACAAAGAGTGGCCATTAATTTGATTTGACAGACAAACTTTCCATGTAAGAAATTAAT 6900

QY 6901 AATGAGAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6960
 Db 6901 AATGAGAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6960
 QY 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGACCTTCACTAGAAATTTTCAAG 7020
 Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGACCTTCACTAGAAATTTTCAAG 7020
 QY 7021 GGATGAAGCTCTTGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7080
 Db 7021 GGATGAAGCTCTTGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7080
 QY 7081 ATGATATATCACAAATTAACAAATCTATATCTATGATTAAGTAATTAATTAATTAATTAATTA 7140
 Db 7081 ATGATATATCACAAATTAACAAATCTATATCTATGATTAAGTAATTAATTAATTAATTAATTA 7140
 QY 7141 CGGATTTGAAGTTTAAATTAAGACTACATGATTTCTATTTTCTAGTCGCAAAAGTTTGACGA 7200
 Db 7141 CGGATTTGAAGTTTAAATTAAGACTACATGATTTCTATTTTCTAGTCGCAAAAGTTTGACGA 7200
 QY 7201 TTGTACTTTTAAATGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7260
 Db 7201 TTGTACTTTTAAATGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7260
 QY 7261 TGGTATTTCTTGTGTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7320
 Db 7261 TGGTATTTCTTGTGTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7320
 QY 7321 TATTGTTAATGATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7380
 Db 7321 TATTGTTAATGATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7380
 QY 7381 GTCTATTACTTGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
 Db 7381 GTCTATTACTTGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
 QY 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456
 Db 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456

RESULT 2
 LOCUS TOMPGAA 7456 bp DNA linear PLN 27-Apr-1993
 DEFINITION Tomato polygalacturonase (PG) Gene, exons 1-9.
 ACCESSION M37304.1 GI:170472
 VERSION M37304.1 GI:170472
 KEYWORDS polygalacturonase.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; Lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 7456)
 AUTHORS Bird,C.R., Smith,C.J., Ray,D.A., Moureau,P., Bevan,M.W., Bird,A.S., Hughes,S., Morris,P.C., Grierson,D. and Schuch,W.
 TITLE The tomato polygalacturonase gene and ripening-specific expression in transgenic plants
 JOURNAL Plant Mol. Biol. 11, 651-662 (1988)
 COMMENT Original source text: Tomato (strain M11 cv Alisa Craig) DNA, clone pTOM6.
 FEATURES
 source
 1..7456 Location/Qualifiers
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:4081"
 prim_transcript 1411..7456
 CDS
 join(1479..1757,2416..2547,3337..3491,3696..3716,4260..4467,4567..4648,5602..5710,6139..6255,6788..7048)
 /note="polygalacturonase"
 /codon_start=1
 /protein_id="AAA34178.1"

```
/db_xref="GI:170473"
/translation="MWIQNSILILLIIPASSISICRSNVIDNLFKOVYNNILIEOF
AHDFOAYLSYLSKNIENNNIDKVDNGIKVINLSPGAKGKGYNDIAPFOANNEA
CSRRTPVQVFPKNKXVILLKOITFGPCSSISVXIRGLEBSKISYKORRLIAP
DSVONLVGGGGTNGOVWPPSSKIKKSLPCRDAPALTFMCKNLKVNILSKN
AQQIHKESCTNVASNLMTINASASPTDVAHSNTQYIOISPTIIGTGDCLISV
SSQANIKFLNEMODVKYPIIDQNYCDRVPICIOFSAVOVKNVYENIKGTSATK
VAIKEDCSNFPCEGIIMENINLVGESGKPSBATCKNVFNNAEHVTHCTSLSESD
BALVNY"
<1479..1757
/note="polygalacturonase"
/number=1
1758..2415
/note="polygalacturonase intron A"
2416..2547
/number=2
2548..3326
/note="polygalacturonase intron B"
3327..3491
3492..3695
/note="polygalacturonase intron C"
3696..3716
3717..4259
/note="polygalacturonase intron D"
4260..4467
4468..4566
/note="polygalacturonase intron E"
4567..4648
/number=6
4649..5601
/note="polygalacturonase intron F (no splice consensus);
putative"
5602..5710
/number=7
5711..6138
/note="polygalacturonase intron G"
6139..6255
6256..6787
/note="polygalacturonase intron H"
6788..>7048
/note="polygalacturonase"
/number=9
ORIGIN
Query Match 100.0%; Score 7456; DB 8; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7456; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 AAGCTCTTAAAAAGGCAATGTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTATTAACAATGG 60
Db 1 AAGCTTCTAAAAAGCAATGTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTATTAACAATGG 60
QY 61 TAAAGCACTTAAAGAAACATAGTTGAAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Db 61 TAAAGCACTTAAAGAAACATAGTTGAAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
QY 121 TGAATAATATTAATAAATTTCAATTGAAAAGGCTTAATAATTTCTCAAGTATTCGA 180
Db 121 TGAATAATATTAATAAATTTCAATTGAAAAGGCTTAATAATTTCTCAAGTATTCGA 180
QY 181 ATGGTACAAAACTACATCGTCCACCTATGTGACTCCAAATTAATTAATTCACACTT 240
Db 181 ATGGTACAAAACTACATCGTCCACCTATGTGACTCCAAATTAATTAATTCACACTT 240
QY 241 TGAGTTAAATATGACTTATATTAACAATTCGAAATTTAAACTATTTTAATCTTTTA 300
Db 241 TGAGTTAAATATGACTTATATTAACAATTCGAAATTTAAACTATTTTAATCTTTTA 300
QY 301 AAAATACATGCGCTCAAAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
Db 301 AAAATACATGCGCTCAAAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
```

```
QY 361 ACCACTTACCAACTCATTAATCATTTAAATCCCAACCAAAATTCATCATCAAAATGGTCT 420
Db 361 ACCAACTACCAAACTCATTAATCATTTAAATCCCAACCAAAATTCATCATCAAAATGGTCT 420
QY 421 AAACACTACTTAAACAAAGAAATTTGTCAGTCCGAATCGAAGCAACCAATCTTAATTTA 480
Db 421 AAACACTACTTAAACAAAGAAATTTGTCAGTCCGAATCGAAGCAACCAATCTTAATTTA 480
QY 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGACATTCATAGATTTTTCGAGCATGAATTTGA 540
Db 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGACATTCATAGATTTTTCGAGCATGAATTTGA 540
QY 541 AATTTAGATTAATGAAAAAGTAGTACCCGGAATTAATTCATGCTTTTAAATA 600
Db 541 AATTTAGATTAATGAAAAAGTAGTACCCGGAATTAATTCATGCTTTTAAATA 600
QY 601 TAAATATTAATTAATTAATGATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTAATTTTA 660
Db 601 TAAATATTAATTAATTAATGATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTAATTTTA 660
QY 661 AAAAATTAATCTAATTAAGTACATCAATTAATTTAGAGAGAAATTAATTAATTA 720
Db 661 AAAAATTAATCTAATTAAGTACATCAATTAATTTAGAGAGAAATTAATTAATTA 720
QY 721 GTGTTAATTAATTAATTAATGAGTGGTAGTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTA 780
Db 721 GTGTTAATTAATTAATTAATGAGTGGTAGTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTA 780
QY 781 TTAATAAACAATAATTTAGAGGCGCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Db 781 TTAATAAACAATAATTTAGAGGCGCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTA 840
QY 841 ACCGTTAGTAAATGTCATTTTAAACCCAAAGTCATGAAGAGGTATTTTAGACC 900
Db 841 ACCGTTAGTAAATGTCATTTTAAACCCAAAGTCATGAAGAGGTATTTTAGACC 900
QY 901 AATAGGGGAGTAGAAGATATTTTGAAGCCAAATGTGATGATGAGAGTAATTTTGT 960
Db 901 AATAGGGGAGTAGAAGATATTTTGAAGCCAAATGTGATGATGAGAGTAATTTTGT 960
QY 961 ATCATTTCTAATCTTAAAGATATTTTGAAGTCAATTTCCCTCTTAAATTAATTAATTA 1020
Db 961 ATCATTTCTAATCTTAAAGATATTTTGAAGTCAATTTCCCTCTTAAATTAATTAATTA 1020
QY 1021 TAGGTGATTCATGCAATATCATCTATTAATTTCCGCTTAAATTAATTTTATTAATA 1080
Db 1021 TAGGTGATTCATGCAATATCATCTATTAATTTCCGCTTAAATTAATTTTATTAATA 1080
QY 1081 AATTTTAAAAAATTAATTAATTTTTCATTTAACTTTGANTGTAAATTTTAAAAA 1140
Db 1081 AATTTTAAAAAATTAATTAATTTTTCATTTAACTTTGANTGTAAATTTTAAAAA 1140
QY 1141 TTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1200
Db 1141 TTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1200
QY 1201 TTATTTAAAAAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATTAAGACAAAATTTGAGAC 1260
Db 1201 TTATTTAAAAAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATTAAGACAAAATTTGAGAC 1260
QY 1261 GGGAGAAAGACAGCGCAGACAAAATGTCCAAGAACTCTTGTCTAAATATCTCATC 1320
Db 1261 GGGAGAAAGACAGCGCAGACAAAATGTCCAAGAACTCTTGTCTAAATATCTCATC 1320
QY 1321 CAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAAATC 1380
Db 1321 CAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAAATC 1380
QY 1381 TATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTTAATCATTAATAAATAATATCTTTTCAA 1440
Db 1381 TATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTTAATCATTAATAAATAATATCTTTTCAA 1440
QY 1441 TAGACAAGTTTAAAAACATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
```

Db	1441	TGAGCAAGATTAAAAACCATACCAATTAACATATATCATGGTTATCCAAAGAAATAGTA	1500
Oy	1501	TTCCCTCTCTCAATTAATATTTTGGCTTCATCAATTCAACTGTGAGAGCAATGTTATGG	1560
Db	1501	TTCTCCTTCTCATTTATATTTTGGTTCATCAATTTCAACTGTGAGAGCAATGTTATGG	1560
Oy	1561	ATGACAAATTATTCAAACAGTTTATGATTAATTTCTTGAAACAGAAATTTGCTCATGAT	1620
Db	1561	ATGACAAATTTATTCBAACAGTTTATGATTAATATCTTGAAACAGAAATTTGCTCATGAT	1620
Oy	1621	TTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAGCAAAAATTTGAAAGCAACATTAATTGACAAAG	1680
Db	1621	TTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAGCAAAAATTTGAAAGCAACATTAATTGACAAAG	1680
Oy	1681	TTGATTAATAATGGGATTTAAAGGATTAATGATTAAGCTTTGGAGCTAAAGGTGATGGA	1740
Db	1681	TTGATTAATAATGGGATTTAAAGGATTAATGATTAAGCTTTGGAGCTTAAGGTGATGGA	1740
Oy	1741	AAACATATGATTAATTTGTAAGTATTTTAATATTTGGAATATATTTGGGGATGAAATG	1800
Db	1741	AAACATATGATTAATTTGTAAGTATTTTAATATTTGGAATATATTTGGGGATGAAATG	1800
Oy	1801	ATAGGAATATTAAGATTTATTTGGAGAGTGAAGAGTTATATTTTATTAAGTAGAAAT	1860
Db	1801	ATAGGAATATTAAGATTTATTTGGAGAGTGAAGAGTTATATTTTATTAAGTAGAAAT	1860
Oy	1861	ATTTTCTGTTTTTATAGTATTAAGGGAAGAAAGAGTTCTCGTTAAGGAGGAAAGAGAT	1920
Db	1861	ATTTTCTGTTTTTATAGTATTAAGGGAAGAAAGAGTTCTCGTTAAGGAGGAAAGAGAT	1920
Oy	1921	TTTCCATGCTAAGTATTTTTTTTTTAACTTTTAAATACGTACATAGTATTTGCTATATCTC	1980
Db	1921	TTTCCATGCTAAGTATTTTTTTTTTAACTTTTAAATACGTACATAGTATTTGCTATATCTC	1980
Oy	1981	AAGAATTAAGACATTATTTATTTGATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGACAGTAATTTTG	2040
Db	1981	AAGAATTAAGACATTATTTATTTGATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGACAGTAATTTTG	2040
Oy	2041	CTTAATATTAACATACAAATTTCTTAATATGATATTTTCAACCAAAATTAACCAACGTAT	2100
Db	2041	CTTAATATTAACATACAAATTTCTTAATATGATATTTTCAACCAAAATTAACCAACGTAT	2100
Oy	2101	CCAAATTAAGTGGGCTCTAGAAATTAAGAGTAAGTCTATTTCAATCTTAACCTTAATTTAT	2160
Db	2101	CCAAATTAAGTGGGCTCTAGAAATTAAGAGTAAGTCTATTTCAATCTTAACCTTAATTTAT	2160
Oy	2161	TTTAGTGGAAACCTTCGACAAAACGAAACAAACGTATTCAAACTTTATATTCGGAATTCG	2220
Db	2161	TTTAGTGGAAACCTTCGACAAAACGAAACAAACGTATTCAAACTTTATATTCGGAATTCG	2220
Oy	2221	AGACCAACCATATTAACAACCTCAACACATGATATAGTCTTAATATTAATATTTTCTA	2280
Db	2221	AGACCAACCATATTAACAACCTCAACACATGATATAGTCTTAATATTAATATTTTCTA	2280
Oy	2281	AAAAATATCTTCAATCTACCATATTTGAATATTTGAAAAATGACCTTTATCCATCGAACA	2340
Db	2281	AAAAATATCTTCAATCTACCATATTTGAATATTTGAAAAATGACCTTTATCCATCGAACA	2340
Oy	2341	CATAATCAAGAGTTCTTTTAAGATTTTAACAACATATTTGATGTTCTTAATCGTGT	2400
Db	2341	CATAATCAAGAGTTCTTTTAAGATTTTAACAACATATTTGATGTTCTTAATCGTGT	2400
Oy	2401	AAAAATATCTTTACAGGCAATTTGAGACACATGGAATGAAGCATGTTCTATAGAACACT	2460
Db	2401	AAAAATATCTTTACAGGCAATTTGAGACACATGGAATGAAGCATGTTCTATAGAACACT	2460
Oy	2461	GTTCAATTTGAGTCTCTAATAACAAGATTAATCTTCAAGCAAAATACCTTTTCAGGT	2520
Db	2461	GTTCAATTTGAGTCTCTAATAACAAGATTAATCTTCAAGCAAAATACCTTTTCAGGT	2520
Oy	2521	CCATGACAGATCTTATTTCAAGTAAGGTTAGCATTAATGATTAATTAATCTCTTGTGT	2580

Db	2521	CCATGCAGATCTTCTAATTTTCAGTAAGGTTAGCATATGATATTTATATTCCTTTGTT	2580
QY	2581	AGCATATATATATCTGTTTTATGACAAATTTAAGAAAGTATCAAGATAGATAACAA	2640
Db	2581	AGCATATATATCTGTTTTATGACAAATTTAAGAAAGTATCAAGATAGATAACAA	2640
QY	2641	TGAATTTTCGTCACTAATTTAGCCGATTTAGTGAAGAAATATCAAAATGTTATGTTAGCTA	2700
Db	2641	TGAATTTTCGTCACTAATTTAGCCGATTTAGTGAAGAAATATCAAAATGTTATGTTAGCTA	2700
QY	2701	TGACCAACTTAGCTATGAAATTAAGTATGAAAGAAAGTTGATGCTAATCTATTTTTTTT	2760
Db	2701	TGACCAACTTAGCTATGAAATTAAGTATGAAAGAAAGTTGATGCTAATCTATTTTTTTT	2760
QY	2761	TGTAGAGTAAGATATTTGAAACACATGATTTAATTAATTAATTTGCTTAATTAATAG	2820
Db	2761	TGTAGAGTAAGATATTTGAAACACATGATTTAATTAATTAATTTGCTTAATTAATAG	2820
QY	2821	TCAA TGATGTTCAAACCTAAGAACTGTCAAAAGAAATAGAAAGAAATATTTATTTT	2880
Db	2821	TCAA TGATGTTCAAACCTAAGAACTGTCAAAAGAAATAGAAAGAAATATTTATTTT	2880
QY	2881	TAAATTAATTAAGAAAGAAATTTGAGAAATTAATCAAGCCAGAAAGATTAACATTA	2940
Db	2881	TAAATTAATTAAGAAAGAAATTTGAGAAATTAATCAAGCCAGAAAGATTAACATTA	2940
QY	2941	TCATATGGGATTAAGAAAGATTTATATATGTATGTAAGAAACAGCATACATCTCATTAATA	3000
Db	2941	TCATATGGGATTAAGAAAGATTTATATATGTATGTAAGAAACAGCATACATCTCATTAATA	3000
QY	3001	GTCTCATTAATGATATTAAGAAATAGTGTATGACCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTT	3060
Db	3001	GTCTCATTAATGATATTAAGAAATAGTGTATGACCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTT	3060
QY	3061	GTGGGATAGATCCATCCAGAGGTGTTTCCAGACTCTTGCTTAAGAAATATGTTTTTCT	3120
Db	3061	GTGGGATAGATCCATCCAGAGGTGTTTCCAGACTCTTGCTTAAGAAATATGTTTTTCT	3120
QY	3121	AAATTAAGTTGAAGAAATGTTATATGATGAAATATGAAGAAACATATCAATTAATA	3180
Db	3121	AAATTAAGTTGAAGAAATGTTATATGATGAAATATGAAGAAACATATCAATTAATA	3180
QY	3181	AAATTAATTAAGTATCAAAAGTAAACGAATTAACAATAGAAATATCTCAATTAATGAAA	3240
Db	3181	AAATTAATTAAGTATCAAAAGTAAACGAATTAACAATAGAAATATCTCAATTAATGAAA	3240
QY	3241	TTTAGTGCTTTCGTTTACATTAATCTTAGTTTATCATTTGTTCTTTAATTTCCCTCT	3300
Db	3241	TTTAGTGCTTTCGTTTACATTAATCTTAGTTTATCATTTGTTCTTTAATTTCCCTCT	3300
QY	3301	TATTTTTTTTGAATTAATCTAATGAGATTTTGTGATCCTTAGAAGCATCTAGTAATAATTT	3360
Db	3301	TATTTTTTTTGAATTAATCTAATGAGATTTTGTGATCCTTAGAAGCATCTAGTAATAATTT	3360
QY	3361	CAGACTCAAAAGATAGAAAGCTTTGGAATGCTTTTGAATGTTCAAAATTTTATGTTGTG	3420
Db	3361	CAGACTCAAAAGATAGAAAGCTTTGGAATGCTTTTGAATGTTCAAAATTTTATGTTGTG	3420
QY	3421	GAGAGAGAGAACTATCAATGCGAATGAGACAAAGTATGCTGCGCAAAATTA	3480
Db	3421	GAGAGAGAGAACTATCAATGCGAATGAGACAAAGTATGCTGCGCAAAATTA	3480
QY	3481	ATAAATCACTGTAATTTTATTAACCTTGCTTAATAGTTTAACGTAAGTTCGTAATTC	3540
Db	3481	ATAAATCACTGTAATTTTATTAACCTTGCTTAATAGTTTAACGTAAGTTCGTAATTC	3540
QY	3541	TTTAAACTGTGTTCTAAAGATTTTATATATTTTGAAGAGAGTGTCAAAATGATCAATTT	3600
Db	3541	TTTAAACTGTGTTCTAAAGATTTTATATATTTTGAAGAGAGTGTCAAAATGATCAATTT	3600
QY	3601	TTAGAGATCCGACCAATATTAAGTTTATGTAATCTAATTTTCAGAGACTCTTGCTTG	3660
Db	3601	TTAGAGATCCGACCAATATTAAGTTTATGTAATCTAATTTTCAGAGACTCTTGCTTG	3660

```
QY 3661 TACTGATCATGTTTACCTTTTCTTCATGAGCCATGAGGGAATGACCAACGATAC 3720
|
|
|
Db 3661 TACTGATCATGTTTACCTTTTCTTCATGAGCCATGAGGGAATGACCAACGATAC 3720
|
|
|
QY 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGATATAAAAAAAGCCCTAAAAATATTTGATTTTAAATGA 3780
|
|
|
Db 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGATATAAAAAAAGCCCTAAAAATATTTGATTTTAAATGA 3780
|
|
|
QY 3781 AAGGTATATATATTTCTTAACCTTGGGCGAGACCTATTAACCCCTGCACTATTTAAATGT 3840
|
|
|
Db 3781 AAGGTATATATATTTCTTAACCTTGGGCGAGACCTATTAACCCCTGCACTATTTAAATGT 3840
|
|
|
QY 3841 GTATTTTAAAGATATAAAAGTGTGATGTAACAACAAAATTTAGATATTCAAAAACATTT 3900
|
|
|
Db 3841 GTATTTTAAAGATATAAAAGTGTGATGTAACAACAAAATTTAGATATTCAAAAACATTT 3900
|
|
|
QY 3901 TGAATAATTAATTAATTTGCAATTTTTCATGATGATTAATAAAATATTTAGTTA 3960
|
|
|
Db 3901 TGAATAATTAATTAATTTGCAATTTTTCATGATGATTAATAAAATATTTAGTTA 3960
|
|
|
QY 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTAATAAATTAATAATCAATGACAAACAAATAGTAGACGAGAA 4020
|
|
|
Db 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTAATAAATTAATAATCAATGACAAACAAATAGTAGACGAGAA 4020
|
|
|
QY 4021 GTATATTAACATTAACCTCTTCAAGTAGAATCGAATTTGTAACACACCTCAAAACCTAGCTT 4080
|
|
|
Db 4021 GTATATTAACATTAACCTCTTCAAGTAGAATCGAATTTGTAACACACCTCAAAACCTAGCTT 4080
|
|
|
QY 4081 TTTCTGATTTATATTTCTTATTTCTTTAATAGATTAACAAAGGCTATAGTTCTGTCAA 4140
|
|
|
Db 4081 TTTCTGATTTATATTTCTTATTTCTTTAATAGATTAACAAAGGCTATAGTTCTGTCAA 4140
|
|
|
QY 4141 AATCTATACATTTGGAACCTGATCTTTGACGCTGTGACATTCGAGATCGTTGAACAATG 4200
|
|
|
Db 4141 AATCTATACATTTGGAACCTGATCTTTGACGCTGTGACATTCGAGATCGTTGAACAATG 4200
|
|
|
QY 4201 GATGAATGATTAATTAATTTGATTTTAAATTTAAATCTAATATTTGTTAAATTTTCAAG 4260
|
|
|
Db 4201 GATGAATGATTAATTTGATTTTAAATTTTAAATCTAATATTTGTTAAATTTTCAAG 4260
|
|
|
QY 4261 CCTTAACCTTCTGGAATTTGCAAAATTTGAAAGTAAATCTTAAGATGAAATGCAAC 4320
|
|
|
Db 4261 CCTTAACCTTCTGGAATTTGCAAAATTTGAAAGTAAATCTTAAGATGAAATGCAAC 4320
|
|
|
QY 4321 AAGCAATTCATTAATTTGATGATGACCTAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
|
|
|
Db 4321 AAGCAATTCATTAATTTGATGATGACCTAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
|
|
|
QY 4381 ATGCTTCAGCAAAAGAGCCCAAAATACGATGAGGCCATGATCAATTAATTAATTC 4440
|
|
|
Db 4381 ATGCTTCAGCAAAAGAGCCCAAAATACGATGAGGCCATGATCAATTAATTAATTC 4440
|
|
|
QY 4441 AAATATCTGATTAATTTGGAACAGGTTTATTTAATTTTAAATTTTAAATTTTCAATTTA 4500
|
|
|
Db 4441 AAATATCTGATTAATTTGGAACAGGTTTATTTAATTTTAAATTTTAAATTTTCAATTTA 4500
|
|
|
QY 4501 AATAGAAAAAAGAGATTTTAAATTTGATTAACATTAATTTAAATTTTAAATTTT 4560
|
|
|
Db 4501 AATAGAAAAAAGAGATTTTAAATTTGATTAACATTAATTTAAATTTTAAATTTT 4560
|
|
|
QY 4561 TTAATAGTATGATTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGAGGAGCCCAAAATA 4620
|
|
|
Db 4561 TTAATAGTATGATTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGAGGAGCCCAAAATA 4620
|
|
|
QY 4621 TTAATAGTATGATTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGAGGAGCCCAAAATA 4680
|
|
|
Db 4621 TTAATAGTATGATTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGAGGAGCCCAAAATA 4680
|
|
|
QY 4681 TTTCTCTATTTTCAATTAAGATGATGATTAATAATTAATCTTTAAATCTTTAAATTT 4740
|
|
|
Db 4681 TTTCTCTATTTTCAATTAAGATGATGATTAATAATTAATCTTTAAATCTTTAAATTT 4740
|
|
|
QY 4741 TATTGGCAAAATTTTCTCTTGTCTTATGATTAATGACTTAACACATTAATTAAGGCCG 4800
|
|
|
Db 4741 TATTGGCAAAATTTTCTCTTGTCTTATGATTAATGACTTAACACATTAATTAAGGCCG 4800
|
|
|
QY 4801 TTTGATGGGCGAATTAAGCAGCTTTAAATGATCTTTTAAATGATTTGAACCTTAAT 4860
|
|
|
Db 4801 TTTGATGGGCGAATTAAGCAGCTTTTAAATGATCTTTTAAATGATTTGAACCTTAAT 4860
|
|
|
QY 4861 TTTAAATTAAGCATTAATCGGTTTGGATTAAGTGTGAAGTGTGATGCTCAAAACGTGA 4920
|
|
|
Db 4861 TTTAAATTAAGCATTAATCGGTTTGGATTAAGTGTGAAGTGTGATGCTCAAAACGTGA 4920
|
|
|
QY 4921 AAGGGAATAATGGAAGAAAGAAATGTTAAGGCTTAATAGGCTTAATTTGTAATAAATATTA 4980
|
|
|
Db 4921 AAGGGAATAATGGAAGAAAGAAATGTTAAGGCTTAATAGGCTTAATTTGTAATAAATATTA 4980
|
|
|
QY 4981 AGCACAATAAGATTAATAAATGCTCAACTTAATAACAATTAATAGCTACCTAACCTAC 5040
|
|
|
Db 4981 AGCACAATAAGATTAATAAATGCTCAACTTAATAACAATTAATAGCTACCTAACCTAC 5040
|
|
|
QY 5041 CCAGCTTTTAACTTTGGCTTAATAATAGTTTATTTTAAACTTAAATTAAGTTGTT 5100
|
|
|
Db 5041 CCAGCTTTTAACTTTGGCTTAATAATAGTTTATTTTAAACTTAAATTAAGTTGTT 5100
|
|
|
QY 5101 TTGATGATTTGCCAAGAGCTTAATAATGCAAAACCAAGTTTAAAGTCAGTTGACAC 5160
|
|
|
Db 5101 TTGATGATTTGCCAAGAGCTTAATAATGCAAAACCAAGTTTAAAGTCAGTTGACAC 5160
|
|
|
QY 5161 TTTTAAAGTGAACCAACAGGCTTTAAATGTCGTTAGATGATGATTAATTAATTTGA 5220
|
|
|
Db 5161 TTTTAAAGTGAACCAACAGGCTTTAAATGTCGTTAGATGATGATTAATTAATTTGA 5220
|
|
|
QY 5221 GCTTTTGTGAAGTGAATTAATTTCTTAAGTTCAACATTAATTAATGATTTAAATG 5280
|
|
|
Db 5221 GCTTTTGTGAAGTGAATTAATTTCTTAAGTTCAACATTAATTAATGATTTAAATG 5280
|
|
|
QY 5281 CACATATAGTTAATCAAAAGACGAATGATGAATTTTGGCAATTTGATTAATCAAA 5340
|
|
|
Db 5281 CACATATAGTTAATCAAAAGACGAATGATGAATTTTGGCAATTTGATTAATCAAA 5340
|
|
|
QY 5341 GAAAAAGGATGATCAAAAGTGTACATTTCAATGAAATGGAATGATCAATTAAGATCAAAAT 5400
|
|
|
Db 5341 GAAAAAGGATGATCAAAAGTGTACATTTCAATGAAATGGAATGATCAATTAAGATCAAAAT 5400
|
|
|
QY 5401 TAGAAGATCAATTAATTAAGGATCAAAATGATTAATCTTAATTAATTAATCTAATTCAT 5460
|
|
|
Db 5401 TAGAAGATCAATTAATTAAGGATCAAAATGATTAATCTTAATTAATTAATCTAATTCAT 5460
|
|
|
QY 5461 TTTCAATTAATTAATTAAGATGTTTAAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5520
|
|
|
Db 5461 TTTCAATTAATTAATTAAGATGTTTAAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5520
|
|
|
QY 5521 TTAAGCAATGATGTTTGTGATTAATTTCTGATTAATTTGCTGATTTTCTCT 5580
|
|
|
Db 5521 TTAAGCAATGATGTTTGTGATTAATTTCTGATTAATTTGCTGATTTTCTCT 5580
|
|
|
QY 5581 TTTTATTTTCCATGATTAATCTAATTTGAGAGCTTGAAGTGAATCAAGAGCTTAAT 5640
|
|
|
Db 5581 TTTTATTTTCCATGATTAATCTAATTTGAGAGCTTGAAGTGAATCAAGAGCTTAAT 5640
|
|
|
QY 5641 GTCTAATGTTAATCTGTAATTAAGCAAAATTAATCGGTGCGAAATGAGTGAATCA 5700
|
|
|
Db 5641 GTCTAATGTTAATCTGTAATTAAGCAAAATTAATCGGTGCGAAATGAGTGAATCA 5700
|
|
|
QY 5701 GACTTGGCAGGTACCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCT 5760
|
|
|
Db 5701 GACTTGGCAGGTACCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCT 5760
|
|
|
QY 5761 TTAATTTTAAATTTGAATTAATTAATTAATTAATTTGAATTTGAATTTGAATTTGA 5820
|
|
|
Db 5761 TTAATTTTAAATTTGAATTAATTAATTAATTTGAATTTGAATTTGAATTTGA 5820
|
|
|
QY 5821 AATTTGATTAAGATGATTTTAACTGAGCTTTCTAATGTTAATTAAGAAAAAATGTTGAG 5880
|
|
|
```

```

Db      5821 ATTTGATTAAGATGATGATTTTCTAGCTTTCTATGTTATATGAAAAAATGTTCCAG 5880
Qy      5881 AACTTCAGATTTATGTTACTGTTACTAGTGAATGCTGCTTTGTTTAAAGTTGGT 5940
Db      5881 AACTTCAGATTTATGTTACTGTTACTAGTGAATGCTGCTTTGTTTAAAGTTGGT 5940
Qy      5941 TTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAAACTATATATGAAAAAGGGGCTCAACGGCCG 6000
Db      5941 TTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAAACTATATATGAAAAAGGGGCTCAACGGCCG 6000
Qy      6001 GCCCAGTAGTGTAGTATCAATAGAAAGATCTCAAGTCTGTTTATTCAGATGACGTTCT 6060
Db      6001 GCCCAGTAGTGTAGTATCAATAGAAAGATCTCAAGTCTGTTTATTCAGATGACGTTCT 6060
Qy      6061 TGGTGAATGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6120
Db      6061 TGGTGAATGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6120
Qy      6121 TGTGTTTAAATATATGAGGAGATCTGACCAAGCTGACCAATCAATTTCTGATGTG 6180
Db      6121 TGTGTTTAAATATATGAGGAGATCTGACCAAGCTGACCAATCAATTTCTGATGTG 6180
Qy      6181 GAAATGCAAGACGTAAAGTATCCCATATATATATAGACCAAACTATGTGATCGAGTTGAA 6240
Db      6181 GAAATGCAAGACGTAAAGTATCCCATATATATATAGACCAAACTATGTGATCGAGTTGAA 6240
Qy      6241 CCATGTATACACACGATTAATTTTATATTAAGAACATTTATATATATATATATATAT 6300
Db      6241 CCATGTATACACACGATTAATTTTATATTAAGAACATTTATATATATATATATATAT 6300
Qy      6301 AAATCAGCTTACATCATTTAAACCTTGAGATCTTTTCACTAGTAGTAATCTTTTGAAT 6360
Db      6301 AAATCAGCTTACATCATTTAAACCTTGAGATCTTTTCACTAGTAGTAATCTTTTGAAT 6360
Qy      6361 AGATTTTAAATATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6420
Db      6361 AGATTTTAAATATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6420
Qy      6421 TGGACATATGCTCTAAAAATCTTGTAAAGTAACTGAATATCATTAAGAAAAATGTTAGA 6480
Db      6421 TGGACATATGCTCTAAAAATCTTGTAAAGTAACTGAATATCATTAAGAAAAATGTTAGA 6480
Qy      6481 TTATATCTAAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6540
Db      6481 TTATATCTAAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6540
Qy      6541 AGAAACATATATACATTAACATTTAGATTCAAATTTATATATATATATATATATATAT 6600
Db      6541 AGAAACATATATACATTAACATTTAGATTCAAATTTATATATATATATATATATATAT 6600
Qy      6601 TCATATCTAGCTACACAAAGCAATACATGACATTCCTCAACATATATATATATATAT 6660
Db      6601 TCATATCTAGCTACACAAAGCAATACATGACATTCCTCAACATATATATATATATAT 6660
Qy      6661 CAAAAGCAATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6720
Db      6661 CAAAAGCAATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6720
Qy      6721 AAAATCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6780
Db      6721 AAAATCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6780
Qy      6781 GTTCCAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAG 6840
Db      6781 GTTCCAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAG 6840
Qy      6841 TGCACAAAGGTCGCAATTAATTTGATGACACAAACTTTTCAAGTGAAGAAATATAT 6900
Db      6841 TGCACAAAGGTCGCAATTAATTTGATGACACAAACTTTTCAAGTGAAGAAATATAT 6900
Qy      6901 AATGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6960
Db      6901 AATGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6960

```

```

Db      6901 AATGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6960
Qy      6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACACAGCTGACCTTCAAGAAATTTGAGA 7020
Db      6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACACAGCTGACCTTCAAGAAATTTGAGA 7020
Qy      7021 GGATGAGAGCTCTTTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7080
Db      7021 GGATGAGAGCTCTTTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7080
Qy      7081 ATGATATATACACATTAACCAATCTATATATATATATATATATATATATATATATAT 7140
Db      7081 ATGATATATACACATTAACCAATCTATATATATATATATATATATATATATATATAT 7140
Qy      7141 CGGATGAGAGCTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7200
Db      7141 CGGATGAGAGCTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7200
Qy      7201 TTTGACTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7260
Db      7201 TTTGACTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7260
Qy      7261 TGGTATTTCTTGTGAACTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7320
Db      7261 TGGTATTTCTTGTGAACTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7320
Qy      7321 TATTTGTTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7380
Db      7321 TATTTGTTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7380
Qy      7381 GTCTATTTACTTTTGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7440
Db      7381 GTCTATTTACTTTTGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7440
Qy      7441 AGTGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7456
Db      7441 AGTGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7456

RESULT 3
PCCCHRAE 7471 bp DNA linear PLN 02-MAY-1996
LOCUS Capsicum annuum chromosome chr4 gene fragment.
DEFINITION L47242
ACCESSION L47242.1 GI:986929
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
Capsicum annuum
Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Capsicum.
REFERENCE
1 (bases 1 to 7471)
AUTHORS Hadjeb,N. and Price,C.A.
TITLE Isolation of Chra a chromosome specific gene from Capsicum annuum
JOURNAL Thesis (1993)
FEATURES
source
1..7471
location/Qualifiers
1..7471
/organism="Capsicum annuum"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="Chromosome specific gene from Capsicum annuum"
/db_xref="taxon:4072"
/note="(vector lambda FIX II)"

ORIGIN
Query Match 29.1%; Score 2167; DB 8; Length 7471;
Best Local Similarity 95.8%; Pred. No. 5e-245;
Matches 2276; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 99; Gaps 1;

Qy      1046 TATTTATTTCCGCTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1105
Db      500 TATTTATTTCCGCTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 559
Qy      1106 TCATTTAACTTGATGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1165

```



```
Db      560  TCCATTTAACCTTGAATGTAATTATTTTAAATAATTACCAATATTAATAATTAAT 619
Qy      1166  ATTAAACAAGAAATGTAACATATATTTTAAATTTTAAATTCAAAATTAATTTTAAAC 1225
Db      620  AATTAACAAGAAATGTAACATATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAC 679
Qy      1226  ATCATATAAAAGAAATACGACAAAATAATTGACGGGAGAGACAGACAGACAAAAT 1285
Db      680  ATCATATAAAAGAAATACGACAAAATAATTGACGGGAGAGACAGACAGACAAAAT 739
Qy      1286  GTCCAGAAACCTTTCGTCTAAATATCTCTCATCCAAACTAATATATATCCATTACA 1345
Db      740  GTCCAGAAACCTTTCGTCTAAATATCTCTCATCCAAACTAATATATATCCATTACA 799
Qy      1346  TTAAACATATGACCAACTCAAAACCCCTTAATAATGATTAATGACAAACCTTCCATA 1405
Db      800  TTAAACATATGACCAACTCAAAACCCCTTAAATATGATTAATGACAAACCTTCCATA 859
Qy      1406  CCTCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1465
Db      860  CCTCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 919
Qy      1466  ATACAAATATATCATG----- 1481
Db      920  ATACAAATATATCATGCTACTTCTACATGCTCTTCTCTACATTTGCCGAAA 979
Qy      1482  -----GTTAT 1486
Db      980  GCGGCTAAACTCTCCCGAGTGAATTTCTGATCTTCTCCAACTCAAAAGCCAGTTAT 1039
Qy      1487  CCAAGGAATGATATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1546
Db      1040  CCAAGGAATGATATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1099
Qy      1547  AAGCATGTATATGATGACAAATTTATTCAAAAGTTATATATATATATATATATATAT 1606
Db      1100  AAGCATGTATATGATGACAAATTTATTCAAAAGTTATATATATATATATATATATAT 1159
Qy      1607  ATTGCTATATATATTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTGACAAAATAATGAAAGACAA 1666
Db      1160  ATTGCTATATATTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTGACAAAATAATGAAAGACAA 1219
Qy      1667  TAATATGACAAAGGTGATAAAATGGAATTAAGATTAATATATATATATATATATAT 1726
Db      1220  TAATATGACAAAGGTGATAAAATGGAATTAAGATTAATATATATATATATATATAT 1279
Qy      1727  TAAAGGTGATGAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1786
Db      1280  TAAAGGTGATGAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1339
Qy      1787  TGGGGATGAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1846
Db      1340  TGGGGATGAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1399
Qy      1847  TAAAGTGAATAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1906
Db      1400  TAAAGTGAATAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1459
Qy      1907  CGAGAAAGCTATTTTCTGTTAACTGTAATTTTAACTTTTAACTTTTAACTTTTAA 1966
Db      1460  CGAGAAAGCTATTTTCTGTTAACTGTAATTTTAACTTTTAACTTTTAACTTTTAA 1519
Qy      1967  TATTTGCTATCTACAGAAATTAAGACCTATATATATATATATATATATATATATAT 2026
Db      1520  TATTTGCTATCTACAGAAATTAAGACCTATATATATATATATATATATATATATAT 1579
Qy      2027  TGAATGATATTTTGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2086
Db      1580  TGAATGATATTTTGTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1639
Qy      2087  TAACAAAGGTATCAATTAAGGCTCTGAAATTAAGATTAAGTTCTATCTAATTTCT 2146
Db      1640  TAACAAAGGTATCAATTAAGGCTCTGAAATTAAGATTAAGTTCTATCTAATTTCT 1699
Qy      2147  TAACCTATATTAATTTTAAAGGAAACCTGACAAAACGAAACGAAATTTTAACTTTT 2206
Db      1700  TAACCTATATTAATTTTAAAGGAAACCTGACAAAACGAAACGAAATTTTAACTTTT 1759
Qy      2207  ATATTCGAAATTCGAGACCAACATATGAAACAACTCACAATCATATATATATATAT 2266
Db      1760  ATATTCGAAATTCGAGACCAACATATGAAACAACTCACAATCATATATATATATAT 1819
Qy      2267  ATATATTTTCTTAAATAATATCTTCAATCTACATATTTGAAATATTTGAAAAATG 2326
Db      1820  ATATATTTTCTTAAATAATATCTTCAATCTACATATTTGAAATATTTGAAAAATG 1879
Qy      2327  TATCTATGCAACATATATCAAGATTTCTTTAAGATTTTAAAGATTTTAAAGATTT 2386
Db      1880  TATCTATGCAACATATATCAAGATTTCTTTAAGATTTTAAAGATTTTAAAGATTT 1939
Qy      2387  TTTCTATGCTGTTAAATAATATCTTTCAGGCAATTTGAGCAATGAAATGAAAGAT 2446
Db      1940  TTTCTATGCTGTTAAATAATATCTTTCAGGCAATTTGAGCAATGAAATGAAAGAT 1999
Qy      2447  CATCTGAAACACTGTTCAATTTGTTGCTCTTAAATAAGAAATTTATCTTCAAGCAA 2506
Db      2000  CATCTGAAACACTGTTCAATTTGTTGCTCTTAAATAAGAAATTTATCTTCAAGCAA 2059
Qy      2507  TCACCTTTTCAGGTCATGACAGATTTCTATTTCAATTAAGATTTAGCAATTTGAT 2566
Db      2060  TCACCTTTTCAGGTCATGACAGATTTCTATTTCAATTAAGATTTAGCAATTTGAT 2119
Qy      2567  ATATCTCTTTGTTGCAATATATATCTGTTTATGCAAAATTTAAGAAATGATATCA 2626
Db      2120  ATATCTCTTTGTTGCAATATATATCTGTTTATGCAAAATTTAAGAAATGATATCA 2179
Qy      2627  AGATAGATTAACATGAATTTTCCTACTAATTTAGCGGATTAAGTGAATTTATCAAA 2686
Db      2180  AGATAGATTAACATGAATTTTCCTACTAATTTAGCGGATTAAGTGAATTTATCAAA 2239
Qy      2687  TGTATATGATGATGAGCACTTATGCTATGAAATTTAGCTATGAAAGATTTGATCA 2746
Db      2240  TGTATATGATGATGAGCACTTATGCTATGAAATTTAGCTATGAAAGATTTGATCA 2299
Qy      2747  TTTCTATTTTCTTTTGTAGTAAAGATTTTGAACACATGTTTAAATTTAATATATG 2806
Db      2300  TTTCTATTTTCTTTTGTAGTAAAGATTTTGAACACATGTTTAAATTTAATATATG 2359
Qy      2807  TCTTATATTAATATGTCATATGATGTTCAACCTTAAGACCTGTCAAAAGAAATTA 2866
Db      2360  TCTTATATTAATATGTCATATGATGTTCAACCTTAAGACCTGTCAAAAGAAATTA 2419
Qy      2867  GAAATATTTATTTTAAATTAATTTAAGAAATAATGAAATTAATTTCAAGCGAG 2926
Db      2420  GAAATATTTATTTTAAATTAATTTAAGAAATAATGAAATTAATTTCAAGCGAG 2479
Qy      2927  AAGGTATTAATATCTATGCGGATTAAGAGATTAATATATGTAAGAAACAGCATAC 2986
Db      2480  AAGGTATTAATATCTATGCGGATTAAGAGATTAATATATGTAAGAAACAGCATAC 2539
Qy      2987  ACATATCTAATTAAGTCTCAATAATGATTAATAAAAAATGTTGTAAGCAAGTTATC 3046
Db      2540  ACATATCTAATTAAGTCTCAATAATGATTAATAAAAAATGTTGTAAGCAAGTTATC 2599
Qy      3047  CTACAAAACCTTTTGTGGGTGATGATGATCAAGAGTTGTTCCAGACTCTTGCTTAAA 3106
Db      2600  CTACAAAACCTTTTGTGGGTGATGATGATCAAGAGTTGTTCCAGACTCTTGCTTAAA 2659
Qy      3107  AAAATGTTTTTTTAAATAAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAATAATGAAAGAAA 3166
Db      2660  AAAATGTTTTTTTAAATAAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAATAATGAAAGAAA 2719
Qy      3167  CATATCAATTTAATAATTAATTAAGTAAATCAAGTAAAGAAATTAATCAATAGAAAT 3226
Db      2720  CATATCAATTTAATAATTAATTAAGTAAATCAAGTAAAGAAATTAATCAATAGAAAT 2779
```


Qy 3227 CTGATAATGAAATTTAGTGGCTTTTCGTTACATATCTAGTTATTCATGTTCT 3286
Db 2780 CTCATAATGAAATTTAGTGGCTTTTCGTTACATATCTAGTTATTCATGTTCT 2839
Qy 3287 TTAATTTCCCTCTCTTATTTTTTTGAAATTAATA 3321
Db 2840 TTAATTTCCCTCTCTTATTTTTTTGAAATTAATA 2874

RESULT 4
LEGS
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNML
PUBMED
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNML
FEATURES
SOURCE

LEGS
2207 bp DNA linear PLN 09-SEP-2004
LOCUS
Lycopersicon esculentum gene for polygalacturonase (PG), exon 1.
X07410
X07410.1 GI:19295
PG gene; polygalacturonase.
Lycopersicon esculentum (tomato)
Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
1 (bases 1 to 2207)
Rose, R.E., Houck, C.M., Monson, E.K., DeJesus, C.E., Sheehy, R.E. and
Halt, W.R.
The nucleotide sequence of the 5' flanking region of a tomato
polygalacturonase gene
Nucleic Acids Res. 16 (14B), 7191 (1988)
88303350
3405769
2 (bases 1 to 2207)
Rose, R.E.
Direct Submission
Submitted (19-APR-1988) Rose R.E., Calgene Inc., 1920 Fifth Street,
Davis, CA 95616, USA
3 (bases 1 to 2207)
Rose, R.E.
Direct Submission
Submitted (16-DEC-1988)
Location/Qualifiers
1..2207
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:4081"
908
/clocation=[2]
/replac="r"
1382..1388
/note="TATA box"
1480..>1758
/note="unnamed protein product; PG protein"
/codon_start=1
/protein_id="CAA30308.1"
/db_xref="GI:19296"
/translation="MWIQRNSILLIIIPMSISISGRSNVIIDNLFRQVYDNLLEQRF
AHDPQALSLYSIKWIESNNNDKDKNGIKIVNLSGAGDKTYDNI"
1480..1758
/number=1
1759..>2207
/number=1

ORIGIN
Query Match 27.1%; Score 2024; DB 8; Length 2207;
Best Local Similarity 98.4%; Pred. No. 4e-228;
Matches 2150; Conservative 0; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

Qy 1 AAGCTCTTAAAGGCAATTTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTAATTAACAATGG 60
Db 1 AAGCTCTTAAAGGCAATTTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTAATTAACAATGG 60
Qy 61 TAAAGCACTTAAAGAACATAGTTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCACT 120
Db 1 TAAAGCACTTAAAGAACATAGTTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCACT 120

Db 61 TAAAGCACTTAAAGAACATAGTTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCACT 120
Qy 121 TGATTAATATAAATAATTTCAATTGGAAGGGCCCTAAATATTCGAAGATTGGAA 180
Db 121 TGATTAATATAAATAATTTCAATTGGAAGGGCCCTAAATATTCGAAGATTGGAA 180
Qy 181 ATGGTCAAAACTACCAATCCGTCACCTATTTGACTCCAAATATAAATTAATTAACCTT 240
Db 181 ATGGTCAAAACTACCAATCCGTCACCTATTTGACTCCAAATATAAATTAATTAACCTT 240
Qy 241 TGAGTTTAAATTTGACTTATATTAACAATTCGAATTTTAACTATTAATCTTTTA 300
Db 241 TGAGTTTAAATTTGACTTATATTAACAATTCGAATTTTAACTATTAATCTTTTA 300
Qy 301 AATATACATGCGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
Db 301 AATATACATGCGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
Qy 361 ACCAATACCACTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 420
Db 361 ACCAATACCACTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 420
Qy 421 AATCACTACTTAAACAAAGCAAAATTTGAGTCCGAATCGAAGCAACCAATCTAATTTA 480
Db 421 AATCACTACTTAAACAAAGCAAAATTTGAGTCCGAATCGAAGCAACCAATCTAATTTA 480
Qy 481 GGTGAGCGCATATTAGAGGACACTTCATAGATTTTTTTCAAGATGAATTTGA 540
Db 481 GGTGAGCGCATATTAGAGGACACTTCATAGATTTTTTTCAAGATGAATTTGA 540
Qy 541 AATTTAAGATTAATGTTAAAGAAAGTAGTACA-CCCGAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
Db 541 AATTTAAGATTAATGTTAAAGAAAGTAGTACAATCCGAATTAATTCATGCTTTTAAAT 600
Qy 600 ATAATTAATTAATTAATTAATTAATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 659
Db 601 ATAATTAATTAATTAATTAATTAATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 660
Qy 660 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 718
Db 661 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720
Qy 719 TAGGTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 778
Db 721 TAGGTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
Qy 779 AATTAATAAATAATTTAGAGCGCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTTGAATTTA 838
Db 781 AATTAATAAATAATTTAGAGCGCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTTGAATTTA 839
Qy 839 AATCCGTTAATTAATTAATTAATTTTGAACCCCAAAAGTGATGAAGGGTATTTTGAG 898
Db 840 AATCCGTTAATTAATTAATTTGATTAATTTTGAACCCCAAAAGTGATGAAGGGTATTTTGAG 899
Qy 899 CCAATAGGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCAAATGATGATGATGAGATTAATTTT 958
Db 900 CCAATAGGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCAAATGATGATGATGAGATTAATTTT 959
Qy 959 GATCATTTCTAATTAATTAATTAATTTAGGTCATTTTCCCTCTTAAGTTTAAGAC 1018
Db 960 GATCATTTCTAATTAATTAATTAATTTAGGTCATTTTCCCTCTTAAGTTTAAGAC 1019
Qy 1019 TATAGTTTGTTCATCGAATATCATCTATTAATTCGCTTAAATTAATTTTATTTTA 1078
Db 1020 TATAGTTTGTTCATCGAATATCATCTATTAATTCGCTTAAATTAATTTTATTTTA 1079
Qy 1079 TAAATTTTAAATAATTAATTTTCCATTTAATTTGATTTGATTTAATTTTAAA 1138
Db 1080 TAAATTTTAAATAATTAATTTTCCATTTAATTTGATTTGATTTAATTTTAAA 1139
Qy 1139 AATTAACAATATAATTAATTAATTAATTTAACAAGAAATTTGAACATAATATTTT 1198
Db 1140 AATTAACAATATAATTAATTAATTAATTTAACAAGAAATTTGAACATAATATTTT 1199

QY 1199 AATTATTCAAAATTAATATTTTAAACATCATATAAAGAATAAGACAAAATAATGAG 1258
 DB 1200 AATTATTCAAAATTAATATTTTAAACATCATATAAAGAATAAGACAAAATAATGAG 1259
 QY 1259 ACGGAGAGAGACAGACGACGACAAAATGTCCAAAGAACTCTTTCGTCTAAATATCTCTCA 1318
 DB 1260 ACGGAGAGAGACAGACGACGACAAAATGTCCAAAGAACTCTTTCGTCTAAATATCTCTCA 1319
 QY 1319 TCCAAACTAATATATATACCATATACCAATTAACCATTTGACCAACGCAACCCCTTAA 1378
 DB 1320 TCCAAACTAATATATATACCATATATATTAACCAATTAACCAACGCAACCCCTTAA 1379
 QY 1379 TCTATTAATAGCAAAACCCCTCCATACCTCTTATCATATAAATAATATCTTTTC 1438
 DB 1380 TCTATTAATAGCAAAACCCCTCCATACCTCTTATCATATAAATAATATCTTTTC 1439
 QY 1439 AATAGACAGTTTAAACCATATACCATATATATCATGTTATTCAGAGAAATAG 1498
 DB 1440 AATAGACAGTTTAAACCATATACCATATATATCATGTTATTCAGAGAAATAG 1499
 QY 1499 TATTCCTCTCATATATATTTTGTCTCATCATATTCACCTTGTAGAGCAATGTAT 1558
 DB 1500 TATTCCTCTCATATATATTTTGTCTCATCATATTCACCTTGTAGAGCAATGTAT 1559
 QY 1559 TGATGCAATTTATTCAGAAAGTTTATGATATATCTTGAACAGAAATTTGCTCATGA 1618
 DB 1560 TGATGCAATTTATTCAGAAAGTTTATGATATATCTTGAACAGAAATTTGCTCATGA 1619
 QY 1619 TTTTCAGCTTATCTTCTTATTTGAGCAAAATTTGAAAGCAACATATTTGACAA 1678
 DB 1620 TTTTCAGCTTATCTTCTTATTTGAGCAAAATTTGAAAGCAACATATTTGACAA 1679
 QY 1679 GGTATATATAAATGGATTAAGATTAATGATTAATGATTAAGTGAAGAGTGAATG 1738
 DB 1680 GGTATATATAAATGGATTAAGATTAATGATTAATGATTAAGTGAAGAGTGAATG 1739
 QY 1739 AAAAAATATATATATTTTGAATTAATTTTGAATATTTTGTGGGATGAAA 1798
 DB 1740 AAAAAATATATATTTTGAATTAATTTTGAATATTTTGTGGGATGAAA 1799
 QY 1799 TGATAGAGATATATATTTTGAAGATGAAAGTTATTTTATATAGTGAAGA 1858
 DB 1800 TGATAGAGATATATATTTTGAAGATGAAAGTTATTTTATATAGTGAAGA 1859
 QY 1859 TTATTTCTGTTTTTGA--TTAAGTGAATAAGCTTCTGTTAAGCGAGAAAAG 1916
 DB 1860 TTATTTCTGTTTTTGA--TTAAGTGAATAAGCTTCTGTTAAGCGAGAAAAG 1919
 QY 1917 CTATTTTCATGATGATTTTCTTAAATTAAGTGAATTTTCTGTTAAGCGAGAAAAG 1976
 DB 1920 CTATTTTCATGATGATTTTCTTAAATTAAGTGAATTTTCTGTTAAGCGAGAAAAG 1978
 QY 1977 ACTCAGAAATTAAGACCTTTATTTGATGATTTTGTCTGGAAGAAAATGATGTAAT 2036
 DB 1979 ACTCAGAAATTAAGACCTTTATTTGATGATTTTGTCTGGAAGAAAATGATGTAAT 2036
 QY 2037 TTTGCTTAATATATCATCATTTCTTATATGATATTTTGAACCAAAATTAAGAGCG 2096
 DB 2037 TTTGCTTAATATATCATCATTTCTTATATGATATTTTGAACCAAAATTAAGAGCG 2095
 QY 2097 TAATCCAAATAGTGGCTCTTAGAATTAAGATTAAGTCTTATTCATTTCTTAACCTTAT 2156
 DB 2096 TAATCCAAATAGTGGCTCTTAGAATTAAGATTAAGTCTTATTTCTTAACCTTAT 2154
 QY 2157 TAATTTAGTGAACCTGAGCAAAA 2182
 DB 2155 TAATTTTA--TGGAACCTGAGCAAAA 2179

RESULT 5
 109042
 LOCUS 109042 2207 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994

DEFINITION Sequence 5 from Patent WO 8809334.
 ACCESSION 109042
 VERSION 109042.1 GI:588250
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 UNKNOWN.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 2207)
 Houck,C.M. and Peat,J.R.
 TITLE
 FRUIT-SPECIFIC TRANSCRIPTIONAL FACTORS
 JOURNAL
 Patent: WO 8809334-A 5 01-DEC-1988;
 FEATURES
 location/Qualifiers
 1..2207
 /organism="unknown"
 /mol_type="unassigned DNA"

ORIGIN

Query Match 27.1%; Score 2020.8; DB 6; Length 2207;
 Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 9,4e-228;
 Matches 2148; Conservative 0; Mismatches 27; Indels 11; Gaps 10;

QY 1 AACCTCTTAAAGGCAATTTGATTAATTTGAAGTCAAAATATTAATTAATTAAGATG 60
 DB 1 AACCTCTTAAAGGCAATTTGATTAATTTGAAGTCAAAATATTAATTAATTAAGATG 60
 QY 61 TAAAGCACTTAAAGAAACCATAGTTGAAGGTTACCAATGGCTATATATTAATCAACT 120
 DB 61 TAAAGCACTTAAAGAAACCATAGTTGAAGGTTACCAATGGCTATATATTAATCAACT 120
 QY 121 TGAATATATTAATAAATAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTCGAAAGTATG 180
 DB 121 TGAATATATTAATAAATAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTCGAAAGTATG 180
 QY 181 ATGTGCAAACTACCATTCGTCACCTATTTGACTCCAAATTAATATTAATCACTT 240
 DB 181 ATGTGCAAACTACCATTCGTCACCTATTTGACTCCAAATTAATATTAATCACTT 240
 QY 241 TGAATTTAAATTTGACTCTATATTAACAATTTCAATTTTAACTATTTAATATCTTT 300
 DB 241 TGAATTTAAATTTGACTCTATATTAACAATTTCAATTTTAACTATTTAATATCTTT 300
 QY 301 AAAATACATGCGTTCAATATTTAATTAATTAATTTAATTTGATATCATTTATTAACA 360
 DB 301 AAAATACATGCGTTCAATATTTAATTAATTAATTTAATTTGATATCATTTATTAACA 360
 QY 361 ACCAATACCAATCATTAATCATTAATATCCACCCAAATTTCTATCAATCAAAATGTC 420
 DB 361 ACCAATACCAATCATTAATCATTAATATCCACCCAAATTTCTATCAATCAAAATGTC 420
 QY 421 AAACACTTAAACCAAGACGAATTTGTGAGTCGGAATCGAAGCAACCAATCTAATTT 480
 DB 421 AAACACTTAAACCAAGACGAATTTGTGAGTCGGAATCGAAGCAACCAATCTAATTT 480
 QY 481 GGTGAGCCGATTTTGAAGAGACATTTCAATAGATTTTCTTCAAGCATGAATTTGA 540
 DB 481 GGTGAGCCGATTTTGAAGAGACATTTCAATAGATTTTCTTCAAGCATGAATTTGA 540
 QY 541 AATTAGATTAATGGAAGAGATGACA--CCGAAATTAATCATGCTTTTAAAT 599
 DB 541 AATTAGATTAATGGAAGAGATGACA--CCGAAATTAATCATGCTTTTAAAT 599
 QY 599 AATTAGATTAATGGAAGAGATGACA--CCGAAATTAATCATGCTTTTAAAT 600
 DB 599 AATTAGATTAATGGAAGAGATGACA--CCGAAATTAATCATGCTTTTAAAT 600
 QY 600 ATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTAATTTTAAAT 659
 DB 600 ATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTTTAAAT 659
 QY 659 ATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTTTAAAT 660
 DB 659 ATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTTTAAAT 660
 QY 660 AAAAAATTAATCTTAAAGTACCATCATTAATTTGAGAGC--AGAAATTAATTAAGATGA 718
 DB 660 AAAAAATTAATCTTAAAGTACCATCATTAATTTGAGAGC--AGAAATTAATTAAGATGA 718
 QY 718 AAAAAATTAATCTTAAAGTACCATCATTAATTTGAGAGC--AGAAATTAATTAAGATGA 720
 DB 718 AAAAAATTAATCTTAAAGTACCATCATTAATTTGAGAGC--AGAAATTAATTAAGATGA 720
 QY 721 TAGGTTTAAATTAATGATGATGGGTAGTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 778
 DB 721 TAGGTTTAAATTAATGATGATGGGTAGTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 778

QY 6785 CAGTTTCAGACGTTCAAGTGAATAATGTGTTGATGAGATATCAAGGCAAGGTGCA 6844
| | | | |
DB 1157 CAGTTTCAGACGTTCAAGTGAATAATGTGTTGATGAGATATCAAGGCAAGGTGCA 1216
| | | | |
QY 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTAATTTGATTGTCAGCACAACTTTCATGTGAAGAAATTATATG 6904
| | | | |
DB 1217 ACAAGGTGGCCATTAATTAATTTGATTGTCAGCACAACTTTCATGTGAAGAAATTATATG 1276
| | | | |
QY 6905 GAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 6964
| | | | |
DB 1277 GAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1336
| | | | |
QY 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
| | | | |
DB 1337 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 1396
| | | | |
QY 7025 GAAGCTCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7084
| | | | |
DB 1397 GAAGCTCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1456
| | | | |
QY 7085 TATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7144
| | | | |
DB 1457 TATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1516
| | | | |
QY 7145 TTGAAGTTTAAATAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 7204
| | | | |
DB 1517 TTGAAGTTTAAATAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 1576
| | | | |
QY 7205 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7245
| | | | |
DB 1577 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1617
| | | | |

RESULT 9

A15981

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

FEATURES

source

1621 bp RNA linear PAT 02-MAR-1994
L.esculentum mRNA for polygalacturonase-2a.
A15981
A15981.1 GI:490039
Lycopersicon esculentum (tomato)
Lycopersicon esculentum
Eukaryotes; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
1 (bases 1 to 1621)
Bridges, I.G., Schuch, W.W. and Grierson, D.
Anti-sense regulation of plant gene expression
Patent: EP 0271988-A 1 22-JUN-1988;
IMPERIAL CHEMICAL INDUSTRIES PLC
Location/Qualifiers
1. .1621
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="unassigned RNA"
/strain="Alles Craig"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="pTOM 6"
/isue_type="fruit"
/dev_stage="fruit ripe"
51. .1424
/codon_start=1
/product="polygalacturonase-2a"
/protein_id="CA01256.1"
/db_xref="GI:490040"
/db_xref="GOA:P05117"
/db_xref="UniProt/Swiss-Prot:P05117"
/translation="MVIORNSILLIIPASISSTCRSNVINDNLFRQVYDNLIEQRF
AHDFQALSTLSKIESNNNDKDKGKIVYINLSCGAGDXTYINIAPEQAKNA
CSSTVQFVPRKNTLLKQITSGCRSISVKTIGSLBASKIDYQKRLMIAF
DSQNLVVGGGTNGQVWPSSCKINSLPRDAPLTFWNCISLVNMLKSN
AQQIHIFESCTNVASNLINAKSPNTDGVSTQVYIQISDTIIGGDCISIV
SGSQNVQATNITGPHGISIGSLGSGNSEAYVSNVTVEAKTIIGENGVRIKWQGG

CDS

SGQASNIKEFLNEMQVKYPILIDQNYCDRVEBICQOFSAVQKNVYENIKGTSATK
VALKPCSTNFPCEGIIMENINLVGSGKRSSEATCKNKHFNNAHEVTPHCTSLIED
EALVNY"
264. .1421
/product="polygalacturonase-2a"
615. .623
/note="pol. N-glycosylation site"
768. .776
/note="pol. N-glycosylation site"
906. .914
/note="pol. N-glycosylation site"
981. .989
/note="pol. N-glycosylation site"
1598. .1606
/note="pol. polyA signal"
1621
polyA_site
/note="polyA site"

ORIGIN

Query Match 6.2%; Score 461; DB 6; Length 1621;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 4.7e-45;
Matches 461; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTCAGACGTTCAAGTGAATAATGTGTTGATGAGATATCAAGGCAAGGTGCA 6844
| | | | |
DB 1161 CAGTTTCAGACGTTCAAGTGAATAATGTGTTGATGAGATATCAAGGCAAGGTGCA 1220
| | | | |
QY 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTAATTTGATTGTCAGCACAACTTTCATGTGAAGAAATTATATG 6904
| | | | |
DB 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTAATTTGATTGTCAGCACAACTTTCATGTGAAGAAATTATATG 1280
| | | | |
QY 6905 GAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 6964
| | | | |
DB 1281 GAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1340
| | | | |
QY 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
| | | | |
DB 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 1400
| | | | |
QY 7025 GAAGCTCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7084
| | | | |
DB 1401 GAAGCTCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1460
| | | | |
QY 7085 TATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 7144
| | | | |
DB 1461 TATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGA 1520
| | | | |
QY 7145 TTGAAGTTTAAATAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 7204
| | | | |
DB 1521 TTGAAGTTTAAATAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 1580
| | | | |
QY 7205 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7245
| | | | |
DB 1581 ACTTTTAAATGTACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1621
| | | | |

RESULT 10

AX062336

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

FEATURES

source

1621 bp DNA linear PAT 24-JAN-2001
Sequence 1 from Patent WO0078982.
AX062336
AX062336.1 GI:12540229
synthetic construct
synthetic construct
other sequences; artificial sequences.
1
Christensen, T.M. and Kreisberg, J.D.
Process for the enzymatic modification of pectin
Patent: WO 0078982-A 1 28-DEC-2000;
DANISCO A/S (DK)
Location/Qualifiers
1. .1621

ORIGIN

/organism="synthetic construct"
/mol_type="unassigned DNA"
/db_xref="taxon:32630"
/note="cDNA clone"

Query Match 6.2%; Score 461; DB 6; Length 1621;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 4,7e-45;
Matches 461; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTCGTATGAGATATCAAGGCGACAAGTGC 6844
Db 1161 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTCGTATGAGATATCAAGGCGACAAGTGC 1220
Qy 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGAGAGATATTAATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGAGAGATATTAATG 1280
Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGTACGGGAAAGTGAACCATCAAGGCTACGTCAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGAAATTAATTTAGTACGGGAAAGTGAACCATCAAGGCTACGTCAAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACAGCTGCACTGCTAGAAATTTCAAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACAGCTGCACTGCTAGAAATTTCAAGAGAT 1400
Qy 7025 GAAAGCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1400
Db 1401 GAAAGCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1460
Qy 7085 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7144
Db 1461 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAATTAAGACTACTATGATTTCTATTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAATTAAGACTACTATGATTTCTATTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAATGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7245
Db 1581 ACTTTTAATGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1621

RESULT 11

LEPG2AR 1621 bp mRNA linear PLN 09-SEP-2004

LOCUS Tomato mRNA for polygalacturonase-2a (PG-2a).
DEFINITION X04583.1 GI:19291
ACCESSION X04583.1
VERSION glycoprotein; polygalacturonase; polygalacturonase-2a; signal
KEYWORDS peptide.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
REFERENCE 1 (bases 1 to 1621)
AUTHORS Grierson,D., Tucker,G.A., Keen,J., Ray,J., Bird,C.R. and Schuch,W.
TITLE Sequencing and identification of a cDNA clone for tomato
JOURNAL polygalacturonase
MEDLINE Nucleic Acids Res. 14 (21), 8595-8603 (1986)
PUBMED 87066731
COMMENT 3786135
The predicted N-terminal AA sequence of PG-2a occurs at AA72. Since
the ATG at bp 51 codes for the only inframe methionine preceding
the N-terminal sequence of PG-2a, it is probable that the mRNA is
translated with a 71aa pre-sequence that is subsequently cleaved to
give a 41,628D mature protein.
Data kindly reviewed (22-APR-1987) by D. Grierson.
FEATURES
source location/Qualifiers
1..1621
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"

CDS

/strain="Alisa Craig"
/cultivar="Alisa Craig"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="PTOM 6"
/issue_type="fruit"
/dev_stage="fruit ripe"
51..1424
/note="unnamed protein product; precursor polypeptide (AA
-71 to 386)"

mat_peptide
/product="mature polygalacturonase (AA 1-386)"
51..263
/note="put. pre-peptide (AA -71 to -1)"
misc_feature
615..623
/note="pot. N-glycosylation site"
misc_feature
768..776
/note="pot. N-glycosylation site"
misc_feature
906..914
/note="pot. N-glycosylation site"
misc_feature
981..989
/note="pot. N-glycosylation site"
misc_feature
1598..1606
/note="pot. N-glycosylation site"
misc_feature
1621
/note="pot. polyA signal"
polyA_site
1621
/note="polyA site"

Query Match 6.2%; Score 461; DB 8; Length 1621;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 4,7e-45;
Matches 461; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTCGTATGAGATATCAAGGCGACAAGTGC 6844
Db 1161 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTCGTATGAGATATCAAGGCGACAAGTGC 1220
Qy 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGAGAGATATTAATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACTTCCATGAGAGATATTAATG 1280
Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGTACGGGAAAGTGAACCATCAAGGCTACGTCAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGAAATTAATTTAGTACGGGAAAGTGAACCATCAAGGCTACGTCAAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACAGCTGCACTGCTAGAAATTTCAAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACAGCTGCACTGCTAGAAATTTCAAGAGAT 1400
Qy 7025 GAAAGCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7084
Db 1401 GAAAGCTTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1460
Qy 7085 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7144
Db 1461 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAATTAAGACTACTATGATTTCTATTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAATTAAGACTACTATGATTTCTATTTCTAGCAAAAGTTGAGAGATGT 1580

OY	2076	TTCAACCAAATFACAAAGCGTAAATCCAAATAGTGGCCCTGAGAAATTAAGTAACTTC	2135
Db	2118	AAATTTAAATATTTTATATTTTATTTAAATTTAAAAA---ATTTAAAAAATTTAAATTT	2173
OY	2136	TATTCAAATCTCTAACCTTATTTTATTTTATGTGAAGAACTTCGACAAAACGAACAAACGTA	2195
Db	2174	AATTTTATTTAAAAATTTTAAAAAATGAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAATTTTAAATTT	2233
OY	2196	TTCAAACTTTTATATTCGGAATTCGAGAACAAACATATGAACAACTTCACACATGCATAT	2255
Db	2234	TAAATTTAAATTTATTTTATTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAAAAATTTTAAATTTTAAATTT	2293
OY	2256	AGTCTTAATATATATATTTTCTTAAAAATATCTTCAATCTACATATTTGAATATTTGA	2315
Db	2294	ATTTATTTTAAAAATTAATTTTATTTTGTATTTAAATTTAAATTTTATTTTAAATTTTAA	2353
OY	2316	AAAAAGCTTTATTCCTTAATTCGACACATATCTAAGAGTTTCTTTAAGAAATTTTCCACTA	2375
Db	2354	ATATATATTTTATTTTATTTATATATATTTATTTAAATTTTATTTATTTTGTAAAAATTTAAA	2413
OY	2376	CATTTGTATGTCTTATTCGTGTTAAATTTATCTTACAGCAATTTGACAAACATCGAA	2435
Db	2414	AAAAATATATTTATTTATTTT---TTTAAAAATTTATTTTATTTTATTTTATTTATTTATTT	2471
OY	2436	TGACACATGTTCACTAGAACACTGTTCAATTTGTGTTCTTAAAAACAGAAATATCT	2495
Db	2472	TTTATTTATTTTGTTTTAAAAAT---ATTAAAAATATTTATGAAAAATTTAAAAAATTAAT	2528
OY	2496	TCTCAGAAATACACCTTTTGAGTCCATGCACTCTTATTTCAATTAAGTTAGAT	2555
Db	2539	TAAATTTATTAATTTAAATTTAAAAATTTTAAAAATTTTAAAAATTTTAAAAATTTAAAA	2588
OY	2556	ATTGATTTATTTATCTCTTGTGTAGCAATATTTATCTGGTTATGACAAATTTTAAG	2615
Db	2589	ATTAATGAAAAAATTTAATTAATTAATTAATTTTAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAATTTG	2648
OY	2616	AAAGTATCAAGATAGATTAACAAATGAAATTTGCTCAATTTAGCGGATTTAGTGG	2675
Db	2649	TTAAATTTTAAAAATTTTAAAAATTAATTTTAAATTTTAAAAATTTTATTTATTTT	2708
OY	2676	AATTTTCAAAATGTATGTAGCTATGACAACTTAGTATGAAATTTACTTAGTGAAG	2735
Db	2709	TTTTTTAAATA-----AAATATTTGTTAAATTAATTTATTAATA 2749	
OY	2736	TTTGATGCAATCTATTTTTTTTTTTTGTAGAGTAAGATTTTGAACACATGATTT--A	2793
Db	2750	AATTAATAAATAATTTAATTTATTTTATTTAATTAATTTAAATGAAATTTTGTATTTAAA	2809
OY	2794	ATTAATTAATTTATGCTTAATTAATATATGTCATGATAGTCCAACTAAAGAACTGTCAA	2853
Db	2810	ATGTGTTAATTAATAAATAATGATATTTTATTAATAATTTAAATTTGAAATTAATTTTA	2869
OY	2854	AGAAATATAGAAAGAAATATTTATTTTAAATTAATTTAAAAAGAAAAATATGGAATA	2913
Db	2870	TGAAAAAAATTTTGTGAAAAAATTTAAAAAATTTGAAAAATGAAAAAATTTGTTAAATTT	2929
OY	2914	AATTCAAAGCGAGATTAATCATATCTATGAGGATTAAGATTTATTAATGATGAG	2973
Db	2930	TTATGAAATGTAATAATTTTAAATGATTTATTTGTTAAAAAATTTAAAAAATTTATTTGA	2988
OY	2974	AAAAACGACATACATATCTAATTAAGTCTCATTAATGATATTTAAAAAATAGTGTGTAA	3033
Db	2990	AAAAATGATATATTTTAAATGATGATGTTTAAATTTTAAATTAATTTAATTTAAAAATTA	3049
OY	3034	GCAACAGTTATCCCTACAAAACTTTGTGGGTATGATCCAGAGTTGTTCCGA	3093
Db	3050	ATTAATTTGTTAT-----AATGTGAATGAATTTGAATTTATTTGTTATTTATGTG	3099
OY	3094	CTCTTGCTTAAAAAATGTTTTTCTTAAATGTTTGAAGAATTTGTATATGATGAAA	3153
Db	3100	TAAATTTAATTAATAATTTATTTTAAAAATGAAATTTAAATGATGATTTGAATAATTTGTTT	3158
OY	3154	ATATAGAAAAACATATCATATTTTAAAAATTAATTAAGTAACTCAAAATGTAAC 3213	

Db	3160	ATATATATAATTTAAATATATATATTTTAAATAAAAATTTGTTGTTGAATGTGAATATA	3219
Qy	3214	AATAGATATATATCTCAATAAATGAAAAATTAAGGCTTTGTTAAACATATCTTAAGTTT	3273
Db	3220	AATTTTAAATTAATATATATTTTTTTAAATATGATTAATATTTTAAATTAATGATGATG	3279
Qy	3274	ATTCATGTTTCTTAAATTTTCCCTCTTAATTTTTTTTGAATAATCAATGCAATTTTGG	3333
Db	3280	TAAAAAATTTTGTATATGTTGTGTATATTTTGTGAAAAAATAATTAATGTGTA	3339
Qy	3334	GATCCTTAGAAGCATCTAGTAAATTTTCAGCTACAAAGATAGAAAGCTTTGATGCT	3392
Db	3340	TGTAAAAAAAGAAATAAATTTGAAATGATGATTTAAAAAATGAAATGAATATATA	3399
Qy	3393	-TTTGATGTGTTCAAAAATTTAGTTGTGTGAGAGAGAGAACTATCAATGGCAATGACA	3451
Db	3400	ATTGGAATTTTATTAATAATTTTGTTAATATGTTGAAAAATTAATATTTGTTTATATTT	3459
Qy	3452	AGTATGTGCGCAAGTTCTTGCAAAATAAATTAATCACTGGTAATTTTATTAACCTGCTT	3511
Db	3460	ATTATATATAAAAAATTTTTTTGTGTGTAAATAAATATGATTAATATGAAATGTGAT	3519
Qy	3512	ATTAAGTTTACGCTATGTGCTCGAATCTT-TAACTGTCTAAAGATATTAATATTT	3570
Db	3520	TGAAATATATAATTTTATTAATAAATTTAAGTTAAAAAATATGTTGTGAAAAATATTT	3579
Qy	3571	TGAAGAGGTGTCAAAATGCAATGACATTTTATAGAAATCCGACCAATATATAGTTTATG	3630
Db	3580	AAAAATGAAATATATTAATTAATGAAAAATATTTTAAATTTAAAAAAATTTTAAATGAAATTT	3639
Qy	3631	TAACTTAATTTTCAGAGCATCTTTCCTGTACTGATCATTTGTTACCTTTTTCCTCA	3690
Db	3640	TAAATGATATGTATATATATGTATATTAATTTGAAATTTTTTTATATTAATATTTT	3699
Qy	3691	TGCAGCCATGACGAGATGACCAACGGATGTTAATGCAATTTGATTTGAATTTGAATAAAA	3750
Db	3700	AAATATGATTAATATATTTTAAATAAAAATTAATAAAATATTTTATATTTTATTAAT	3759
Qy	3751	AAGCCTAAATATATTTGCAATTTTAAATGTA-----AAGTTATATATATCTT--AACT	3802
Db	3760	AATTTTATATTTTGAATAATGTATTTAATTAATTAATATATATTTGTTAAATTTGTTGAATTT	3819
Qy	3803	TTGGCAGGACCTATTAACCCCTTCGACATATTTAATAGTATTTTAAAGATATTAAGTGTG	3862
Db	3820	TTGTTTTTTTGAATAATTTGAAATGTAAATTTGAAAAATGATTTTGTATATGATTAABAAA	3879
Qy	3863	TTTAGTTGAACAAAA--ATTAGATATTCAAAACTATTTGAAATTAATCTATTAATTT	3918
Db	3880	TTGAAATATGATTTTAAATGTTTAAAAAATGTGAAAAAATATGATTAATAAATATTAATTT	3939
Qy	3919	GCAATTTTTTGCATATCAATATGATTAABAAAATTAATAGTTAAAGTTCTTATGATTTGAT	3978
Db	3940	ATTAATAATTTTAAATATATAAATTTTATATGTTATTTTAAAAAATAAATAAATATGTTTAA	3999
Qy	3979	TCTAAAAATTAATAATCATGACAAACAATATGAGACGGAAGATATTAACAATACCTCT	4038
Db	4000	TGAAATATGATATATGTAATTTTGTGTGTGAAAAATTTTGTATGATTAATTTTAT	4059
Qy	4039	TCAAGTAGAATCGATTGTACACACACTCAAAACTACGTTTTCTCGATTAATATTC	4098
Db	4060	TTGAGTTTAAATGTTTTTATTTTATTTTGTGTATATGTAATTTTAAATTTTATTTT	4119
Qy	4099	CTATTTCTTTTAATATAGTAATCAAGGCTATATAGTTCTGCAAA---ATCATATCATGG	4154
Db	4120	TTATTTGTTTTGTTTTATTTTAAATATATATTTTGTTAATATTTTATTAATATTTT	4179
Qy	4155	AAACTCTATCTTGAAGCCTGTACATTTGAGATCGTTGAACAATGATGATATTT--	4211
Db	4180	TTTTTTTTTTTTTGTGATTAATAATATGATTTTAATTTGGAATTTTAATATTTTAT	4239
Qy	4212	--ATTAACTTTGATTAATAATTAATTAATATTTGTTTAATTTTCAGGCTTAACCT	4269

4240 AATATATAAAAAATATAAATAAATAAATATTTTTTTGTAATTAATATGAAAA 4299
QY 4270 TCTGAATATGCAAAAAATTTGAAAGATATCTAAAGAGTAAAAATGCAACAAATTC 4329
Db 4300 TATATATATGTTAAAAATTTTGTATGATATTTTTTTGAAATTAATTTATTAATAATA 4359
QY 4330 ATATCAATTTGAGTCATGCACTATATGTAGCTCAAAATTTGATATGATCAAGCTTCAG 4389
Db 4360 TAAATATTTTAAATGTTAAATTTTGTATTTTGTAAATTTTGTATTTGAAATGTG 4419
QY 4390 CAAAGAGCCCAAAATACGATGAGAGCTCATATCAAAATCTCAATATATCAAAATATCTG 4449
Db 4420 AAAATATTTGAA-----AATGATGTGATAAAAAAATTAATAATATGAAATTTTG 4473
QY 4450 ATACTATATATGCAACAGTTTATTTATTTAATTTTATTTTATCCAAATTAATAGAAA 4509
Db 4474 TTTTATTTTATTTTAAATATGATTAATAAAAAATGAAATATATTTTGTATTTTATTT 4533
QY 4510 AAAAGAGATATTTTATTTGATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTATATAGTG 4569
Db 4534 TTTTATTTATGTTATTTATATATATATGTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 4593
QY 4570 ATGATTTATTTCAATTTGTTTCGATCTCAAAATGTGAGCCCAAAATATTTCTGTG 4629
Db 4594 ATTTATTTATTTTAAAAAATTAATTAATTTTAAAAAATTAATAATTAATGATTTAA 4653
QY 4630 GTCCAGCTCATGTGATPAAGTACTATTTTACAAATACTGTTGTCATTTCTCAT 4689
Db 4654 ATTTGTTGAAAAATTAATGAAATGATGTTGTAATTTGTTTATTTTAAATTTTAAAT 4713
QY 4690 TTCAATTAAGTAGTATGATATATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 4749
Db 4714 ATGATTAATTTGAA--ATTTAATTTATTTTGAATAATGAAATAATTAATGATTTAA 4771
QY 4750 ATTTTCTCTGCTTTATGTTATGTTATGATTAAGTCAATATATAGGCGTTGATG 4809
Db 4772 ATGATTTATTTATTAATGATATGATGTTTTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 4831
QY 4810 GCGAATTAAGAGCTTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 4869
Db 4832 ATTTTATTTATTTGTAATAATTAATTTTGTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 4891
QY 4870 AGCACTTATCGGTTTGAATAAAGTCGAGTGTATGTCACAACTGAAGGAAAA 4929
Db 4892 ATAAATTAATAATTTGATTTGATTAATAATTTGATTAATAATTTTAAATTTTAAAT 4951
QY 4930 ATGAGAAAGAAATTTGAGGTTATATGAGTTATTTGTAATAAATAATTTAGCACA--- 4986
Db 4952 TTTGAAAAAATTAATTTGTAATAATTTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT 5011
QY 4987 -AAAAATTAATAATTTGCTCACTTAATAACACTATTAAGCTCCGACCCGAC 5045
Db 5012 TAAATTAATTTATTTATTTGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 5071
QY 5046 TTTTAACTTTTGGCTTAAATTAAGTTTTTTTTTTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5105
Db 5072 ATAAATTAATAATTTAAATAATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5131
QY 5106 TATTCGAAGAGCTTAATAATGCAAAAACAGCTTTTAACTGATTTGATGACAGCTTTTA 5165
Db 5132 ATTAATTAATAATAATTTTAAATAATTAATAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5191
QY 5166 AGCTGAGCCCAACAGGCTTAAATGCTGCTTAAATGCTGATATATATTTGAGCTTT 5225
Db 5192 TTTGAAAAAATTTAAATATTTAAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5251
QY 5226 TTTTGAAGTAGTATATATCTTAAGTTCAAGTTAAAT-----ACATGC 5270
Db 5252 AATTAATGAGAAAAATTTTAAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5311
QY 5271 TTTTAATAGCATATATAGTTAATCAAAAGACGAATGATGAATAATTTGCAATTTGA 5330
Db 5312 TGTTTTAAATGAAATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5371

QY 5331 TTAATCAGAAAAAGGATATGTTCAAGTGTACATTT-----TCAATGATTTGAAGATA 5384
Db 5372 ATTTTGTAAATATGATTAATAATAATTAATGAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 5431
QY 5385 TCAATAAGACTAAATATGAAAGATCAATTAATGAGGATCAAAATGTTATTAATCTTAT 5444
Db 5432 TTAATAATGAAATTTTATTTATTTGTTTGAATTTTTTTTTTAAAGATTTGATGATAT 5491
QY 5445 TAAATATCTATTCATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAAGCTGTTATTAATCTAATA 5504
Db 5492 TTTATTTGTTGATTTTATTTTATTTATTTGATTTGTTGTTTATTTTATTTTATTTAT 5551
QY 5505 AATCATCAATTAATTTATGCAAAATGTGTT-----TGTGATCTATATCTTTCTGAT 5560
Db 5552 AATATTTATTAATGATTTAAATTAATTTTGAATAATGATTTTATTAATTTATGATTT 5611
QY 5561 ATTTGCTCATTTTTTCTCTTTTATTTTTCATGATTAATTAATTAAGCTTAAAGATCT 5620
Db 5612 TTTTATTTGTTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTATTTTATTTTAAATTTAA 5671
QY 5621 GGAATTTGAGAGC-----TTATGTCCTATATCTTATGTAATGAAACCAAT 5670
Db 5672 AAAAAATTAATAATGATTAATAATTTGATGATATATGTAATTAATTAATTTGAAAT 5731
QY 5671 TATCGTGCCGAATAATGAGTATGATCAAGACTTGAG--GTACCTCCCTCCCTCC 5728
Db 5732 TTTTATTTGTTTAAATTTTGTATTAATAATAATTTGATTAATTAATTAATTAATA 5791
QY 5729 CCCCCCCAGGCCCATTTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5788
Db 5792 ATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5851
QY 5789 AAGATTAATTTGATTTCAATGTTGAAATTTTATTTGATTAAGATGATTTTAACTAG 5848
Db 5852 AAAAAATTAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5911
QY 5849 TTTCAATGTAATTAATGAAAAAATTTGTCGAATCTGATTAATTTGATCTGATCAAG 5908
Db 5912 TTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5971
QY 5909 TGTAAATGTTGCTTTGTTTGAAGTTTGTATATCCAGTTTGGGCTCATGATTAACC 5968
Db 5972 TTTTATTTTATTTTAAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 6031
QY 5969 AACTTAATTAAGAAAGGCGCTGCAAGCCGCCCACTAGCTATGATCAATAG---- 6024
Db 6032 ATAAATGATTTTATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6091
QY 6025 ---GAAGTCTCAGCTCTGTTTATTCAGATGACGTTCTGTTGATGTTAATAAT 6081
Db 6092 ATGAAATATGATTAATGTTTATTTTATTTGATTTGATTTGATTTAATAATTAATGTTT 6151
QY 6082 AAATTTAATTAACATGTAATTAAGATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6141
Db 6152 TGTAAATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6211
QY 6142 GATCTGAGACAGCTGCAACATCAATTTTCAATGCGAAATGCAAGCTTAAGTAT 6201
Db 6212 AAAAAATTTAATAATGCTGTTTAAATGTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6271
QY 6202 CCATTAATTAAGACCAAAACTAT--TGTATGAGTGAACCATGATTAACAGAGTAT 6260
Db 6272 TAAAAATATAAAAAATAATGATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6331
QY 6261 TTTTATTAACGAACAATTTATTAATTTTATTTATTTACTTCTTAATCACTTATCATTTA 6320
Db 6332 TATGATATTTTAAATAATGTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6387
QY 6321 AACTTGAATTTCTTTCACTAGTATTAATTTTGAATGATTTTATAGTAATGATAT 6380
Db 6388 ATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTTAAATTT 6447

Qy	6381	TCATTATCCCTTTATTTTTCTGCAATTTNGAATCTTTGGACTAGTCTA----	643.4
Db	6448	AAATTTTAAATTTATTTATTAATAAATAAATAATATGTTTTTTTATTTTGTATTATTA	6507.7
Qy	6435	-----AAATCTGTAAAGTAAGTAACGAATATCATTAAGAAAATGTATGATATATAT	6487.1
Db	6508	TTTTTGTAAAAATTTTGTATGAAAAATGTTTATTTAAATTTTAAANATTTTATTTATTTT	6567.7
Qy	6488	CTAAATTTTTTATATAATTTATAGACGTTATCTAATATTTTGTATGTAAAGTTGAAACA	6547.7
Db	6568	AAAATTAATTTAAATGAAAAAAAATTAATTTATTTTAAATTTATATTTTATTTATGTT	6627.7
Qy	6548	TATACATPAAACATTAGTTCCAATTTTAAATATCTAAATATTTGATTCAAATCAATCA	6607.7
Db	6628	TTAATTTTATGTTTTTATATATGAAATTTTTTAATTTTAAATTTTAAAAAAAATAA	6687.7
Qy	6608	TGACTACACAACGAAATACATGACAGATTCTCAAAATATATAGTAGAATTCATTCAAAACG	6667.7
Db	6688	ATTTTTTTTATGTTTTATTAATGTTGATTTATTAATATTTTGAATTTATGAAATTTAAAAA	6747.7
Qy	6668	AATCAAAATATAGTAGAGATATATCTTAAAGAGAGACATTTGGGTAAATAGTAAAAATCA	6727.7
Db	6748	AATTAATAATATTAATGAAAAAATAATAAAAAAATAAAAAATATTTGATTTGGAAATTT	6807.7
Qy	6728	TTTAAGTATTAATAAAAAAATTTCTAACCTCTCTCACGATTTATTTATCACTTTGTTCCAG	6787.8
Db	6808	GAAATTTTTTAAAAAAAATTAATAAAAAATTTTATTAATTTGAATTTGAAAAATTAATAAAA	6867.7
Qy	6788	TTTTTCAGCAGTCAAGTGAAAAAATGGTGATAGATATTCAGAGATTCAGAGGCACAAAGCAC	6847.7
Db	6868	TTTTTATTAATAAAAAATTTGTAAATTTTTTTTTTTTGGAAAT-----AATTTGAATGTTT	6919.9
Qy	6848	AAGGTGCGCATTAATTTGATTTGCAGCAAACTTTCATGTGAGATTAATTAATATGAG	6907.7
Db	6920	AAATTTTTTTTAAATTTTTTTTTTT-----TTTTTATTAATAAANATATGATTTATA	69707.7
Qy	6808	AATATTAATTTAGTAGGGGAAAATGCGAAAACCATCAAGCGCTACGTGCAAAAATGTCTCAT	6967.7
Db	6971	TATATAAAATATTAATGATTTTAATTAATAAAAAAATAAAAAATATTAATTTTGTATTTTTT	7030.8
Qy	6968	TTTAAACAATGCGTAACATGTTACCAACACGCACTTCACATGAAATTTCCAGAGATGAA	7027.7
Db	7031	TTTTTAAAAAAAATAAATTTTAAATTAATTAATAAATTTTAAATTTTAAATTAATTTT	7090.9
Qy	7028	GCTCTTTGTATTAATTTATTTAATTTTATCTATAGATCTTCAATATATATAGCAGATATGATAT	7087.7
Db	7091	TTTAAATTTATTAATTTATTAATTTTAAAAATTTAAATTAATAATTAATTAATTAATTT	7156.7
Qy	7088	ATCACAATTAACAATCTAATCTATATCTATGTATTTGAATTAATTAATTAATTAATGATG	7147.7
Db	7151	GTAATATGATATTTATATTTATTTATTTATGTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	7210.7
Qy	7148	AAGTTTATATAGACTATATGATATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTGACAGTTTGACT	7207.7
Db	7211	TAAATTTATTTATTTTAAAAATAATTTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTTTGTGAAT	7270.7
Qy	7208	TTTTTAATGTACAAAAATATATAAATGTTATTTATATGATGTATATATATATATCCCTTTGGTAT	7267.7
Db	7271	TTTTTATTTTATATTTATTTTATGATATPAAAAAATPAAAAAATATTTTATTTTATTTTAAAT	7330.7
Qy	7268	TCTTGTGAACATATATGTCATTTATTAATACTATTAATCTGTGC-----AATGAT	7319.7
Db	7331	TTTTATTTAAAAAATATTTTAATTAATTTTTTTTTTTTTTTTATTAATTTTAAAAAATAA	7390.7
Qy	7320	GTAATTTGTTAATGATACATAATATATCTTTTCATCTGATTAATAAGATTAATAATTTTAA	7379.7
Db	7391	ATAATTTGAAAAAATAAATAATATGATATATATATATATATATATATATATATATATAT	7450.7
Qy	7380	CGTCATATACCTTGTGAATTAATATAGTATTTTGTGTTTTTGTATTTTAAATTTTAAAT	7434.7
Db	7451	TGTTTAAATTTTAAATTTATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAAT	7505.7

LOCUS	AX599046/c	8056 bp	DNA	linear	PAT 14-FEB-2003
DEFINITION	Sequence 386 from Patent WO0207272.				
ACCESSION	AX599046				
VERSION	AX599046.1	GI:28392186			
KEYWORDS					
SOURCE					
ORGANISM					
REFERENCE	1				
AUTHORS	Benlin, K., Braun, A., Distler, J., Guectig, D., Howe, A., Mueller, J., Olek, A., Piegnerbrock, C., Adorjan, P., Grabs, G., Leech, R., Leu, E., Levin, A., Lipscher, B., Maier, S., Modell, F., Mueller, V., Otto, T., Pelet, C. and Ziebarth, H.				
TITLE	Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell proliferative disorders				
JOURNAL	Patent: WO 0207272-A 386 03-OCT-2002;				
FEATURES	Epigenomics AG (DE)				
source	Location/Qualifiers				
	1..8056				
	/organism="synthetic construct"				
	/mol_type="unassigned DNA"				
	/db_xref="taxon:32630"				
	/note="chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)"				
ORIGIN					
Query Match	4.4%; Score 328.8; DB 6; Length 8056;				
Best Local Similarity	43.5%; Pred. No. 8.8e-30;				
Matches 3275; Conservative	0; Mismatches 4092; Indels 161; Gaps 33;				
QY	6 TCTTAAAAAGCAATGATTAATTGAGTCAAAATTAATTAATTATACAGTGTA-A 63				
DB	7807 TTTTAAAAAATCATTAATTTTTTTTCATTAAAAATTTATATTCAAAATTTTATTT 7748				
QY	64 AGACCTTAAGAAACATGTTGAAAGGTACCAAGCGCTATATATTAATCAACTGA 123				
DB	7747 TTAATTTTATTTAAATTTTCATTTTCATTAATTTTAAACAAATTAATTTTATTTAT 7688				
QY	124 TAATTAATAAAAAATTTTCATTCGAAAAAGGCTTAATATTCMAAGTTCGAATG 183				
DB	7687 AAAAAATATATTATTTTATTTTCATATAATTTAAACACAAATATATTTAABAAAAA 7628				
QY	184 GTACAAAATGACATCGGTCCACTTATGACTCCAAATTAATTAATTAATTCACCTTGA 243				
DB	7627 AAAAAAATCAATTTTATTAATAAATTAATTAATTAACATTAATTAATTTTTCACATTA 7568				
QY	244 GTTTAAATTCAGTACT-----TATATACAAATCTAAATTTAAACATTTTAATCTTT 298				
DB	7567 AATTAATAATTTTAAATTAATAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATATC 7508				
QY	289 TAAAAATCATGGGCGTCAATATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAC 358				
DB	7507 AAATTTAAATTAATTTATTAATTTATTAATTTAAACATTTAAATTAATTAATTAACAAAT 7448				
QY	359 CA-ACCACTACCAACTCATTAATCAATTAATCCACCCCAATTCATCATCAAAATTTGT 417				
DB	7447 AATATATTATTTTAAATTAACATATATATTAATTAATTAATTAATTTTTCCTTCAATTAATTT 7388				
QY	418 CCTAAACATGCTATAAACAGACGAATTTGTCGATCCGAATGGAAGCAGCAATCTAAT 477				
DB	7387 TTTTTTTAAATTAATTAATAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATAAAT 7328				
QY	478 TTAGGTGAGCGGATATTTTGAAGACACTTCCTAGTATTTTTCATGACATGATTT 537				
DB	7327 TAAAAATTAATAAAATATTTTATTTTATTAATCAATTAATAATTAATTAATAAATTT 7268				
QY	538 TGAATTTTAAGATTAAATGTTAAAGAGTAGTACCCGAATTAATTCATGCTTTTAA 597				
DB	7267 TCAAAAAAATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATAAATTAATTAAT 7208				
QY	598 ATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTTGTTTAAATTAATTA-AAACTGAATATATTAATTT 656				

```

Db      7207 ATAAATTAATTAATTAATCAAAACATAAATAAATTAATTAATTAATTAACATTAACAA 7148
Qy      657 TTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 716
Db      7147 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7088
Qy      717 CATGCGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 776
Db      7087 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7030
Qy      777 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 836
Db      7029 -AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6971
Qy      837 TAAACCGTTAGATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 896
Db      6970 TATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6911
Qy      897 AGCCATAGGGGGATGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 956
Db      6910 ATTTATTCAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6851
Qy      957 TTGATCATTTCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1016
Db      6850 AATTCATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6791
Qy      1017 ACTATAGTTTACTGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1076
Db      6790 ATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6731
Qy      1077 TATTAATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1136
Db      6730 TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6676
Qy      1137 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1196
Db      6675 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6616
Qy      1197 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1253
Db      6615 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6556
Qy      1254 -----TTGAGACGGAGAGACAGAGCAGACAAAATGACAGAACTCTTCTCT 1306
Db      6555 TATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6496
Qy      1307 AAATATCTCTGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1366
Db      6495 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6436
Qy      1367 AACCCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1421
Db      6435 AAATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6376
Qy      1422 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1481
Db      6375 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6317
Qy      1482 GTTATCCAAAGAAATAGATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1541
Db      6316 ATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6257
Qy      1542 TGTGAGACATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1601
Db      6256 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6197
Qy      1602 CAAGATTTGCTCATATTTTCAAGCTTATCTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1661
Db      6196 TTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6137
Qy      1662 AACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1721
Db      6136 TATATACACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6077

```

```

Qy      1722 GGAGCTAAGGATGAGAAAAACATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1781
Db      6076 TTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6017
Qy      1782 ATTTGGGGATGAAAAATGATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1841
Db      6016 CAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5959
Qy      1842 TTTTAAAGTGAATAATTTCTCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1901
Db      5958 AACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5899
Qy      1902 TTAAGCAGAGAAAGCTATTTTCCATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1961
Db      5898 ATATATCAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5839
Qy      1962 CATATATTTGCTATCTCAAGATTAAGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2021
Db      5838 TTTTTCAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5779
Qy      2022 GAAATGATGTAATTTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2081
Db      5778 TTTTCAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5723
Qy      2082 CAAATTAACAAACGTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2141
Db      5722 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5668
Qy      2142 ATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2201
Db      5667 ATTTCAAAAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5608
Qy      2202 CTTTAAATTCGAATTCGAGACCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2261
Db      5607 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5549
Qy      2262 AATTAATTAATTAATTTTCTTAAATTAATTTCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2321
Db      5548 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5489
Qy      2322 ACTTTATCTATGACACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2381
Db      5488 ACATTAACAACTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5429
Qy      2382 GATATTTCTATGCTGTTAAATTAATTTCTTGAGCAATTTGAGCAGATGAATGAAG 2441
Db      5428 AAATTTTCAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5369
Qy      2442 ATGTTATCTGAGACACCTGTTCAATTTGCTTCCATAAACAAGATTAATTTCTCA 2501
Db      5368 ATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5317
Qy      2502 GCAATACCTTTTACGTCATGACAGATCTTATTTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2561
Db      5316 AAACAAATTTTCAACACAAAAAATTAATTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5257
Qy      2562 TATTTATATCTCTGTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2621
Db      5256 TTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5197
Qy      2622 ATCAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2681
Db      5196 TCAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5137
Qy      2682 CAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2741
Db      5136 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5077
Qy      2742 GCTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2801
Db      5076 ATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5018
```


QY 2802 TTATGCTTAATTAATATGTCATATGATAGTTCAAACTAAGAACTGTCACAAAGAAATA 2861
 |||||
 Db 5017 TTATTAATAATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATATTTTACAAATTAATTTT 4958
 QY 2862 AGAAAGAAATTTATTTATTTTAAATTAATAAGAAAAATATGAGAAATTAATTCGAA 2921
 Db 4957 TTCAAAATTTTATTTATTAATAATTAATTAATCAATTTTCAATCAATCAATTTTATTA 4898
 QY 2922 GCGAAGAGTATTCATATCTATGAGGGAATAAAGATATTAATATATGTAAGAAACAGC 2981
 Db 4897 TTTTATATATTAATTAATTTTAAATTTTAAACAAATAATTAATTTTACAAATTAATA 4838
 QY 2982 ACTACACATATCTAATAAGCTCATTAATGATATTAATAATATAGTGTAGACACAGT 3041
 Db 4837 AAAAAATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAABAAAAATCATATATCATTTATATTAATTA 4778
 QY 3042 TATCCCTACAAAACTTTTGGGGGTAGATGATCCAGAGGTGTTCCGACCTTGGCT 3101
 Db 4777 AATCATTTCAATTAACATTAATTTATTTTCAATTTTCAAAAAATTAATTAATTTCAATTTA 4718
 QY 3102 TAAAAAAAATGTTTTCTTAATATAGTTGAAAGAA-----ATGTTATATGATGA 3151
 Db 4717 TCATATTTTAAATATCAAAAAAATAATTAACAACATTTTCATTTCAATTTATTTTCACAA 4658
 QY 3152 AAATATGAAAGAAAAACATATCATATTTAAATAATTAAGTAATCAAGTAAGTAAGTAATA 3211
 Db 4657 CAATTTTATTTCAATTTATTTTAAATTTTAAABAAAAATTAATTTTAAABAAAAATTA 4598
 QY 3212 ACAATAGGAATATATCTCATTAATGAAATTAAGTGTGCTTTGCTTAATCATATCTTAACT 3271
 Db 4597 AAATAATTTAAATTAATTAATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4538
 QY 3272 TTATCATTTGTTCTTAATTTCCCTCTTAATTTTGTGAATTTAGTAATGACATTTT 3331
 Db 4537 AAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 4478
 QY 3332 TGCATCTTAGAAGCATCTAGTAATAATTTTCAGACTACAAAGATGAAGCTTTGATGTC 3391
 Db 4477 AAAAAAATTTTCAATTTTAATTTTAAATTTTATTTATTCACATATTTTCAAAATTTTCA 4418
 QY 3392 TTTTGAATGTTCAAAATTTTATTTGTTGAGAGAGAGAACTATCAATGCGCAATGACA 3451
 Db 4417 CATTCAAAAATACAAAAAATAATTAACAAAAAATAATTTTAAACAAAT--TTTAAATAATTA 4360
 QY 3452 AGTATGTTGCGCAAGCTTCTGCAAAATTAATAATCACTGTAATTTTATTAACCTTGGCT 3511
 Db 4359 TTATTTTAAATTAATAATTAATTTCAAAAAAATAATCATACAAATTTTAAACATATTAATA 4300
 QY 3512 ATTAATTTTACGTATGTTGCTCGAATTTCTTAAACTGTTCTAAGATATTAATTAATTT 3571
 Db 4299 TTTTCAATTTAAATTAACAAAAAATAATTTTATTTATTTATTTATTTTATTTTATTTT 4240
 QY 3572 GAAGAGGTGTCAAAATGATCAATTTTGAAGATTTCCGACCAATATTAAGTTTATGT 3631
 Db 4239 AATAAAAAATTAATTAATTTCAATTAATTAATTTCAATTTTATTAACAAAAAATAAATA 4180
 QY 3632 AATCTAATTTTCAAGACATCTTTGGC-----TTGATGATCATTTGTAACCTTTTCTTCT 3687
 Db 4179 AAAAAATTAATAAAAAAATAATTAATAAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 4120
 QY 3688 TCATGACGCCATGAGGAGATGACCAACGATAGCTTAATGATTTGATTTGATTAATAAAA 3747
 Db 4119 AAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 4060
 QY 3748 AAAAAAGCTTAATAATTAATTTGAATTTTAAATGAAGTTAATTAATTTCTTAACCTTTGGG 3807
 Db 4059 AATAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4000
 QY 3808 CAGAGACCTAATACCCCTTGACATATTAATATAGTATTTTAAAGATATTAAGAGTTTAA 3867
 Db 3999 TTTTAAACATTTTCAATTTTATTTTAAATAACAT-----AAATTTTAAATTTTAAAT 3946
 QY 3868 TTGAACAAATAATTAATTAATTTCAAAAACTAATTTGAATAATTAATTAATTAATTTT 3927

Db 3945 TTTAATTAATTAATTTTATATCATTAATTTTACAAATTTTAAATAACATTAATAACAA 3886
 QY 3928 TTGCATATCAATATGATTAATAAATAATATAGTTAAAGTCTTAAGATTTGATTCGAAAAAT 3987
 Db 3885 TTTCATATTTTATATCATTAACAAATCAATTTTCAAAATTTTACATTTCAAAATTTTCAAAA 3826
 QY 3988 AAAAAATCATGACAAACAAATAGTAGACGGAAGAAATATTAACATACCTCTTCAAGTGA 4047
 Db 3825 AATCAAAATTTCAACAAATATTAATAACATTAATTTATTAATAA-----CATTTCAAAATA 3770
 QY 4048 ATGATTTGTACACACACTCAAAACCTACGTTTCTTCGATTAATTTCTTAATTTCTT 4107
 Db 3769 AATAAAAAATTAATTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAAT 3710
 QY 4108 TTAATATGATTAAGAGCTATAGTCTGCAAAATCTATACATPTGAAACCTGATCTTT 4167
 Db 3709 TAATCATTTTAAATAAATAATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 3650
 QY 4168 GAGGCTCGTACATTCGAGATCGTTGAAACAATGGAATGATTAATTTAATTTGATTTT 4227
 Db 3649 CATTAATTAATTAATTTTCAATTTTAAATAAATTTTATTAATTTAATTTTATTTTATAT 3590
 QY 4228 AAATATTAATAACCTAATATTTGTTAATTTTCAAGCTTTAACCTTTCGAAATTCGAAAAAT 4287
 Db 3589 ATTTCAATTTAATTAATTTTTCACAAACAAATTTTAAACATTAATTTTATTAATTAATAAAT 3530
 QY 4288 TGAAGTGAAATTAATCTTAAGAAT-----AAATGCAACAAATTCAT 4331
 Db 3529 TATTAATTTCAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3470
 QY 4332 ATCAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4391
 Db 3469 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3410
 QY 4392 AAGAGCCCAATATCTGATGAGTCAATGATCAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4451
 Db 3409 AAATTAATAATTAATTAATTTTCAATTTTATTTATATCATCTTCAATTTTATTTTCA 3350
 QY 4452 ACATTTATGGAACAGGTTATTTATTTAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 4511
 Db 3349 TTTTATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTCAAAAAAATAAACAACAAATTAACAAA 3290
 QY 4512 AAAGAGTATTTTATTTGATTAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTATTTAT 4571
 Db 3289 AATTTTTCATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3230
 QY 4572 GATTTGATTTCAATTTGTTTCTGATTCGAAATGTCGAGGCAACAAATTAATTTCTTGTGT 4631
 Db 3229 AATTAATAATTTTATTTTCAATTTTCAACAAACAAATTTTATTAATAAATAATTAATTA 3170
 QY 4632 CAGGTCATGATTAAGGATCTGATTTTACAAATTAATTAATTTTCAATTTTCTGATTTT 4681
 Db 3169 AATTAATTAATAAACAATTTTTCATCATCAATTAATTAATTTTCAATTTTAAATAATTAAT 3110
 QY 4692 CATTAAGGTATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4751
 Db 3109 TATTAATAATTAACATTAATAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3050
 QY 4752 TTTTCTCTGCTTTATGTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4804
 Db 3049 TTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2990
 QY 4805 GATGCGCAATTAAGAGAGCTTTAAATAAGTATTTTAAAGTGTGAACCTTAATTTTAA 4864
 Db 2989 TCATATAATTTTATTTTATTTTAAACAAATTAATTAATTAATTTTCAATTTCAATTA 2930
 QY 4865 AAATTAAGCAGTTATCGTTTGAATTAAGTGTGAAGTGTATGTCGAAAGCTGAAGAAAG 4924
 Db 2929 AATTTTAAACATTTTATTTTCAATTTTCAATTTTATTTTATTTTCAACAAATTTTATTTCA 2870
 QY 4925 GAAAAATGAGAAAGAAATGTTAGGTTATTAAGGTTATTTGTTAATAAATAATTAAGCA 4984

```
Db 2869 TAAATATATTCAAATTTTAAATTTTATATTAATAAATATCATATATATTAATTAACAT 2810
Qy 4985 CAAAAATATAAAATGCGTCACTTAAACAACTTAATAGTACCCTACCCACG 5044
Db 2809 TTTATATTAACAAAATTCATTTAAATTTATTAATAAATTAACAATTAATATTTTATAT 2750
Qy 5045 CTTTAACTTTGCTTAAATATAGTTTATTTTAACTTAAATAGTGTGTTGA 5104
Db 2749 TTTATATATATTTATTTAAACAATTTATTTTAAATAAATAAATAATTAATTAATA 2690
Qy 5105 GTATGCGCAAGAGCTAAATTAATGCAAAAACGCTTTTAACTAGCTTGAACGCTTT 5164
Db 2689 AAAATTTAAATTTATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAACTTTTATTTATTTT 2630
Qy 5165 AACGTAGCCAAACAGGCTCTTAAATGTCGTGATGATGCTATATTAATTTGAGCT 5224
Db 2629 TTTTAAATATTTATATTTATATTTTATTTTCAATTAATTTTATTTTAAATTT 2570
Qy 5225 TTTTGAAGTAGT--ATATATCTTAAAGTCAACATTAATAATACATGCTTAAACATAGC 5281
Db 2569 TTAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTATATTAATTTTATTTTATTTT 2510
Qy 5282 ACATATAGTTAATCAAAAGACAAATGATGATTAATTTGCAATTTGATTAATCAAG 5341
Db 2509 TCAATTAATTTTAAATTTATTTTAAACA-AAATTAATAAATAATTAATAATAATAA 2451
Qy 5342 AAAAGGATAGTCAAAAGTACATTTCAATGATTTGAAGATATCATTAAGCTAAAT 5401
Db 2450 AAAAATTAATTTTAAATTTAAATTAATTTTATTTTATTTTCAAAAATTAATA 2391
Qy 5402 ABAAGATCAATTAATTTGAGGATCAAAAATGATTAATTCCTTAATTAATAATCATTTCCAT 5461
Db 2390 AATTTAATTAATTTATTTTAAATAAATAAATAATTAATTTAAATTAATAATTAAT 2331
Qy 5462 TTCAATTAATTAATTAATTAAGATGATTTATATTAATTAATAAATGATTAATTAAT 5521
Db 2330 TAAATACAAAATTAATTAATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATTTT 2271
Qy 5522 TGACAAAATGCGTTTGGTACCTATTAATCTTCTGAAT--ATTGCTCATTTT 5576
Db 2270 TAAATTAATTTAAATTAATAAATAAATAATTTTATTAATAATTTTATTTT 2211
Qy 5577 CTCCTTAAATTTTCAATGATTAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 5636
Db 2210 ATTTTATTTTCAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTTTATTT 2151
Qy 5637 ATGCTTAATGTAATGTAATGAAGCA-----AAATTAATGCGTCCGAAA 5684
Db 2150 TTAATTTAAATTAATAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 2091
Qy 5685 ATGAGTTAGATCAAGACTGGAGATCCCTCCCCCCCCCCCCCAAGGCC 5744
Db 2090 ATTAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 2031
Qy 5745 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5804
Db 2030 TTAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 1971
Qy 5805 CATGTTGAATTTATTTGATTAAGTAAGTAATTTTAACTAGCTTCAATGTTATATAG 5864
Db 1970 TAAATTTAAATTTATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTT 1911
Qy 5865 AAAAAAATGTCAGAACTTCAATTAATGCTGCTAGCTAAATGCTGCTT 5924
Db 1910 AAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 1851
Qy 5925 TGTTTGAAGTTGTTATTCAGTTTGGTCAATTAACCAACT-TAATAAGAA 5983
Db 1850 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 1791
Qy 5984 AGGGGCTGCAAGCGGCCCACTAGTGTGATGATTAAGTAAGTCTCAGCTGTT 6043
Db 1790 ATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 1731
Qy 6044 ATTCAGATGAGCTGCTGTTGTAAGTAAATAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTA 6103
Db 1730 ATTAATTAATTAATTTATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1671
Qy 6104 AGCATTAATTAATTAATTTGCTTAAATTAATTAAGGAA--GGAATGAGACACTAGCA 6161
Db 1670 TATCATTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1611
Qy 6162 CATCAATTTCTGAATGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAG 6221
Db 1610 AATTTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1551
Qy 6222 CTATGTAATGAGTGAACATGATATACAGAGTAATTTTAAATTTTAAATTAATTA 6281
Db 1550 TAAATTTATTTAA--AAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1494
Qy 6282 TTAATTTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 6341
Db 1493 TTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1434
Qy 6342 AGTTAGTAATTTTGA-----TGAATTTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6386
Db 1433 AAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1374
Qy 6387 TTCCTTAAATTTTCTTAATTTATGATCTTTGCAATGCTAAATAATCTTGTGA 6446
Db 1373 ATTTTAAATTAATTAATTAATTTAAATTTATTTTAAATTAATTAATTAATTTT 1314
Qy 6447 AAGTAATGAAATATATAGAAAATAATGTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTA 6506
Db 1313 TATTAATTTATTAATTTTAAATAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAAT 1254
Qy 6507 TTAGAGTTATGTAATTTGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 6566
Db 1253 TTTTATTTTCAAAAATAATTTATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1194
Qy 6567 TCAATTTAATTAATTTTAAATTTGATTCAAATCAATCATGACTACAAAGCAATAC 6626
Db 1193 ATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTCA 1134
Qy 6627 ATGCAATTTCTCAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6686
Db 1133 AAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1074
Qy 6687 TATCTTAAAGAGCAATTTGGTAATTAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6746
Db 1073 CAAATTTTATTTTATTTATCATTAATTAATTTCAAAATTAATAAATAAATAATTT 1014
Qy 6747 CTAACTGATCTCAAGATTAATTAATTAATTAATTTGCTCAAGTTTCAAGCTTCAATGA 6806
Db 1013 AAAAAATTAATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 954
Qy 6807 AAATGCTGATAGAAATTAATCAAGGCAACAGTGAACAAAGTGGCCATTAATTTG 6866
Db 953 AAATTTATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAT 894
Qy 6867 ATTGAGACAAATTTCCATGTAAGGATTAATTAAGTAATTAATTTTAAATTTTAA 834
Db 893 AATTAATTTCAAAATTTTATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 834
Qy 6927 AAAGTGAAAACATCAAGAGCTACGCAAAATGCTCAATTTTAAATTAATGCAATG 6986
Db 833 AATTTTAAATTAATCAT-----TTAATAATTTATTTTAAATTAATTAATTAAT 782
Qy 6987 TTAACACACATGACATTCCTAGAAATTTCAAGAGTAAGCTCTTGTATTAATTT 7046
Db 781 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 722
Qy 7047 AATTTATCTATGATCTTAATTAATTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7106
Db 721 AATTAATTTTAAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 662
```

```
QY 7107 TATCTATGTAATGAAATATTATTATATATATGTAAGGATTGAAGTTTAAATTAAGACTACT 7166
Db 661 TAAATTTATATTTTAAAAATATTATTAAAAAT---TTTAAATTTATATATATTTT 606
QY 7167 ATGTATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATTGTACTTTTAAATGTACAAAAATA 7226
Db 605 TTATTAATATATATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 550
QY 7227 TAAATGTTATTTATATGATGATATATATATCCCTTGGTATTTCTGTGTGACTATATATGT 7286
Db 549 ATTAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 490
QY 7287 CATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATC 7346
Db 489 TTTTATTTAAATATATATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAAT 430
QY 7347 TTTCAATCATGATTAATTAAGAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAAT 7406
Db 429 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCA 370
QY 7407 GATTTTAAATTTTGTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 7434
Db 369 TTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 342
```

Search completed: March 1, 2005, 11:49:33
Job time : 30421 secs

This Page Blank (uspto)

This Page Blank (uspto)

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using bw model

Run on: March 1, 2005, 11:49:40 ; Search time 4474 Seconds
(without alignments)
9874.883 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1

Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtggaataataagag 7456

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5394803 seqs, 2962729879 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 10789606

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Published Applications NA:*

- 1: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
- 2: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/PCr_NEW_PUB.seq:*
- 3: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
- 4: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
- 5: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
- 6: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/PCrUS_PUBCOMB.seq:*
- 7: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
- 8: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
- 9: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
- 10: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
- 11: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
- 12: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09C_NEW_PUB.seq:*
- 13: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq:*
- 14: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq:*
- 15: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
- 16: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
- 17: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
- 18: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10F_PUBCOMB.seq:*
- 19: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
- 20: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
- 21: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
- 22: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	7456	100.0	7456	US-10-691-374-1	Sequence 1, Appl1
2	7454.4	100.0	7456	US-10-691-374-47	Sequence 47, Appl1
3	7454.4	100.0	7456	US-10-691-374-49	Sequence 49, Appl1
4	2024	2207	11	US-09-782-130-26	Sequence 26, Appl1
5	331.8	4.5	8056	US-10-473-126-386	Sequence 386, App
6	328.8	4.4	8056	US-10-473-126-386	Sequence 386, App
7	265.4	3.6	5822	US-09-924-197-1	Sequence 1, Appl1
8	228.4	3.1	7456	US-10-691-374-1	Sequence 1, Appl1
9	228.4	3.1	7456	US-10-691-374-47	Sequence 47, Appl1
10	228.4	3.1	7456	US-10-691-374-49	Sequence 49, Appl1
11	216.6	2.9	3673778	US-10-312-841-1	Sequence 1, Appl1

C 12	215.6	2.9	2207	11	US-09-782-130-26	Sequence 26, Appl1
C 13	200.2	2.7	8056	18	US-10-473-126-240	Sequence 240, App
C 14	188.6	2.5	8056	18	US-10-473-126-240	Sequence 240, App
15	179.8	2.4	3673778	16	US-10-312-841-1	Sequence 1, Appl1
C 16	163	2.2	15548	15	US-10-311-455-218	Sequence 218, App
C 17	145.2	1.9	50000	19	US-10-706-635-23	Sequence 23, Appl1
C 18	141.4	1.9	15373	15	US-10-311-455-440	Sequence 440, App
C 19	138	1.9	7498	15	US-10-311-455-230	Sequence 230, App
C 20	134.8	1.8	18218	15	US-10-311-455-1922	Sequence 1922, Ap
C 21	131	1.8	32392	19	US-10-706-635-27	Sequence 27, Appl1
C 22	130.4	1.7	50000	19	US-10-706-635-23	Sequence 23, Appl1
C 23	130	1.7	34688	18	US-10-433-793-90	Sequence 90, Appl1
C 24	128.8	1.7	32392	19	US-10-706-635-27	Sequence 27, Appl1
C 25	125	1.7	5979	14	US-10-239-676-18	Sequence 18, Appl1
C 26	125	1.7	5979	14	US-10-240-453-26	Sequence 26, Appl1
C 27	124.4	1.7	11422	15	US-10-311-455-191	Sequence 191, App
C 28	124.4	1.7	11422	17	US-10-257-166-17	Sequence 17, App
C 29	123.8	1.7	18154	15	US-10-311-455-227	Sequence 227, App
C 30	123.4	1.7	3673778	16	US-10-312-841-2	Sequence 2, Appl1
C 31	123	1.6	6294	15	US-10-311-455-1027	Sequence 1027, Ap
C 32	122.8	1.6	5979	14	US-10-239-676-18	Sequence 18, Appl1
C 33	122.8	1.6	5979	15	US-10-240-453-26	Sequence 26, Appl1
C 34	122.8	1.6	37515	18	US-10-433-793-28	Sequence 28, Appl1
C 35	122	1.6	11691	15	US-10-311-455-2214	Sequence 2214, Ap
C 36	122	1.6	11745	15	US-10-240-453-206	Sequence 206, App
C 37	120.2	1.6	3673778	16	US-10-312-841-2	Sequence 2, Appl1
C 38	119.2	1.6	15732	14	US-10-239-676-95	Sequence 95, Appl1
C 39	119.2	1.6	15732	15	US-10-240-453-107	Sequence 107, App
C 40	119	1.6	15732	14	US-10-239-676-96	Sequence 96, Appl1
C 41	119	1.6	15732	15	US-10-240-453-108	Sequence 108, App
C 42	118.8	1.6	158001	17	US-10-211-179-11	GENERAL INFORMATION
C 43	118.6	1.6	5641	15	US-10-311-455-1369	Sequence 1369, Ap
C 44	117.4	1.6	34688	18	US-10-433-793-90	Sequence 90, Appl1
C 45	117.2	1.6	18218	15	US-10-311-455-1922	Sequence 1922, Ap

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-691-374-1
Sequence 1, Application US/10691374
Publication No. US20040250322A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: McCallum, Claire
APPLICANT: Slade, Ann J.
APPLICANT: Colbert, Trent
APPLICANT: Knauf, Vic
APPLICANT: Anawah Inc.
TITLE OF INVENTION: Transgenic Having Reduced Polysaccharonase Activity Caused by Non-
FILE REFERENCE: MBHB 02-276
CURRENT FILING DATE: 2003-10-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
SOFTWARE: PatentIn version 3.1
SEQ ID NO 1
LENGTH: 7456
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1479)..(1757)
OTHER INFORMATION:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (2416)..(2547)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3327)..(3491)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:

```

/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (3696)..(3716)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (4260)..(4467)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (4567)..(4648)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (5602)..(5710)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (6139)..(6255)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (6788)..(7045)
/ OTHER INFORMATION:
US-10-691-374-1

```

```

Query Match      100.0%; Score 7456; DB 18; Length 7456;
Beet Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7456; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 1 AAGCTTCTTAAAGGCAATGTATATTTGAAGTCAAAATATTTATTTATACATGG 60
Db 1 AAGCTTCTTAAAGGCAATGTATATTTGAAGTCAAAATATTTATTTATACATGG 60
QY 61 TAAAGCACTTAAAGAACCAATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATATTAACA 120
Db 61 TAAAGCACTTAAAGAACCAATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATATTAACA 120
QY 121 TGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 180
Db 121 TGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 180
QY 181 ATGTGACAAAATCTACATCCGTCACCTATTTGACTCCAAAATATATATATATAT 240
Db 181 ATGTGACAAAATCTACATCCGTCACCTATTTGACTCCAAAATATATATATATAT 240
QY 241 TGAATTTAAATATGACTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 300
Db 241 TGAATTTAAATATGACTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 300
QY 301 AAATATACATGCGCTTCAATATTTATATATATATATATATATATATATATATAT 360
Db 301 AAATATACATGCGCTTCAATATTTATATATATATATATATATATATATATATAT 360
QY 361 ACCAATCTACCAATCTATTAATCAATCCACCCCAATTTCTACTATCAAAATGTCC 420
Db 361 ACCAATCTACCAATCTATTAATCAATCCACCCCAATTTCTACTATCAAAATGTCC 420
QY 421 AAACACTACTAAACAAAGAAATGTCAGTCCGAATCGAAGCAACCAATCTAATTTA 480
Db 421 AAACACTACTAAACAAAGAAATGTCAGTCCGAATCGAAGCAACCAATCTAATTTA 480
QY 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGACATTTCAATATATTTTTCACAGCAATTTGA 540
Db 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGACATTTCAATATATTTTTCACAGCAATTTGA 540
QY 541 AATTTAAGTTATATGTAAGAAAGTAGTACACCCGAATTAATTCAGCTTTTAAATA 600
Db 541 AATTTAAGTTATATGTAAGAAAGTAGTACACCCGAATTAATTCAGCTTTTAAATA 600
QY 601 TAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 660
Db 601 TAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 660

```

```

QY 661 AAAAATATCTATTAAGTACCATCACATTAATGACGAGAAATTAATAGATGACATA 720
Db 661 AAAAATATCTATTAAGTACCATCACATTAATGACGAGAAATTAATAGATGACATA 720
QY 721 GTGTTTAAATTAAGTAAAGGAGTAAATTTATTTATATATATATATATATATATAT 780
Db 721 GTGTTTAAATTAAGTAAAGGAGTAAATTTATTTATATATATATATATATATATAT 780
QY 781 TTATTAACAAATATTTGAGCCCATATGATATTTTAAATATTAATATAGTTAAATA 840
Db 781 TTATTAACAAATATTTGAGCCCATATGATATTTTAAATATTAATATAGTTAAATA 840
QY 841 ACCGTTAGATTAATATGATCAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATTTTACAG 900
Db 841 ACCGTTAGATTAATATGATCAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATTTTACAG 900
QY 901 AATAGGGGATGAGAGAGATATTTTGAAGCAATATGATGATGAGAGATATTTTGT 960
Db 901 AATAGGGGATGAGAGAGATATTTTGAAGCAATATGATGATGAGAGATATTTTGT 960
QY 961 ATCATTTCTAATATCTTTAAAGATATTTAGTCAATTTTCCCTTTAGTTATAGACTA 1020
Db 961 ATCATTTCTAATATCTTTAAAGATATTTAGTCAATTTTCCCTTTAGTTATAGACTA 1020
QY 1021 TAGGTATAGTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1080
Db 1021 TAGGTATAGTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1080
QY 1081 AATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1140
Db 1081 AATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1140
QY 1141 TTACCAACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1200
Db 1141 TTACCAACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1200
QY 1201 TTATTCAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1260
Db 1201 TTATTCAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1260
QY 1261 GGGAGAAAGCAAGCCAGACCAAAATATGTCAGAAATCTTTTGTCTAATATCTCTATC 1320
Db 1261 GGGAGAAAGCAAGCCAGACCAAAATATGTCAGAAATCTTTTGTCTAATATCTCTATC 1320
QY 1321 CAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1380
Db 1321 CAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1380
QY 1381 TATTAATATGACAAACCTTCCCATATCTTATCATATATATATATATATATATATATAT 1440
Db 1381 TATTAATATGACAAACCTTCCCATATCTTATCATATATATATATATATATATATAT 1440
QY 1441 TAGCAATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500
Db 1441 TAGCAATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500
QY 1501 TTCTCTCTCATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1560
Db 1501 TTCTCTCTCATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1560
QY 1561 ATGCAATTTTATTAACAAAGTTATGATATATATTTTGAACAAAGATTTGCTCATGAT 1620
Db 1561 ATGCAATTTTATTAACAAAGTTATGATATATATTTTGAACAAAGATTTGCTCATGAT 1620
QY 1621 TTCAAGCTTATCTTTCTATATTTAGCAAAATATTTGAAGCAACATATATATGACAGG 1680
Db 1621 TTCAAGCTTATCTTTCTATATTTAGCAAAATATTTGAAGCAACATATATATGACAGG 1680
QY 1681 TTGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1740
Db 1681 TTGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1740
QY 1741 AAACATATGATATATATTTGATATTTTAAATATATTTGAGAGATGAAATATG 1800

```


Ds	1741	AAACATAGATATATTTGAAATATTAAATTTGAAATATATTTGCGAGTGAATG	1800
Ds	1801	ATAGAGATATATAGAAATATTTGGAAAGTGAAGATATATTTATTAAGTAGAAAT	1860
Ds	1801	ATAGAGATATATAGAAATATTTGGAAAGTGAAGATATATTTATTAAGTAGAAAT	1860
Ds	1861	ATTTCTCGTTTTTATGATTAAGGTGAAGATGAGTTCTCGTTAAGCGAGAAAGCTAT	1920
Ds	1861	ATTTCTCGTTTTTATGATTAAGGTGAAGATGAGTTCTCGTTAAGCGAGAAAGCTAT	1920
Ds	1921	TTTCCATGCTAACTGATATTTTTTTTTTAACTTTTAAATACGTCATATGATTTTGGTACTC	1980
Ds	1981	TTTCCATGCTAACTGATATTTTTTTTTTAACTTTTAAATACGTCATATGATTTTGGTACTC	1980
Ds	1981	AAAGATTAAGACACTTATATTTAGATGATTTAGTGCAGAAAGAAATGATAGTATTTG	2040
Ds	1981	AAAGATTAAGACACTTATATTTAGATGATTTAGTGCAGAAAGAAATGATAGTATTTG	2040
Ds	2041	CTTAATATTAACATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAGGCTAT	2100
Ds	2041	CTTAATATTAACATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAGGCTAT	2100
Ds	2101	CCAATTAAGTGGCCCTCTAGATTAAGAGTAAAGTTTATTCATTCCTTAACTTATTTAT	2160
Ds	2101	CCAATTAAGTGGCCCTCTAGATTAAGAGTAAAGTTTATTCATTCCTTAACTTATTTAT	2160
Ds	2161	TTTATGAGAAACCTGACAAAGAAAGAAAGTATCAAACTTTATATTCGGAAATCG	2220
Ds	2161	TTTATGAGAAACCTGACAAAGAAAGAAAGTATCAAACTTTATATTCGGAAATCG	2220
Ds	2221	AGACCAACCATATGAAACAACCTCAACAATGATATAGTCTTAATATATATATTTTCTA	2280
Ds	2221	AGACCAACCATATGAAACAACCTCAACAATGATATAGTCTTAATATATATATTTTCTA	2280
Ds	2281	AAAAATATCTTCAATCTACCATATTGAATATGAAAAATGACTTTATCTATCGAACA	2340
Ds	2281	AAAAATATCTTCAATCTACCATATTGAATATGAAAAATGACTTTATCTATCGAACA	2340
Ds	2341	CATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTTACCATATTTGGTATGTTCTTATCGGTT	2400
Ds	2341	CATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTTACCATATTTGGTATGTTCTTATCGGTT	2400
Ds	2401	AAAAATATCTTCAAGCATTTGAGCAACATGSAATGSAAGATGTTCACTAGAACCT	2460
Ds	2401	AAAAATATCTTCAAGCATTTGAGCAACATGSAATGSAAGATGTTCACTAGAACCT	2460
Ds	2461	GTTCAATTTGTTGTTCTTAAAGAAACAAGATTAATCTTCAAGCAAAATCACTTTTCAAGT	2520
Ds	2461	GTTCAATTTGTTGTTCTTAAAGAAACAAGATTAATCTTCAAGCAAAATCACTTTTCAAGT	2520
Ds	2521	CCATGCAATCTTCAATTTCAAGTAAAGTTAGCATATGATATTTATATCTCTCTTGT	2580
Ds	2521	CCATGCAATCTTCAATTTCAAGTAAAGTTAGCATATGATATTTATATCTCTCTTGT	2580
Ds	2581	AGCAATATATTTATCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAAGTATCAAAATGATATTAACA	2640
Ds	2581	AGCAATATATTTATCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAAGTATCAAAATGATATTAACA	2640
Ds	2641	AGCAATATATTTATCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAAGTATCAAAATGATATTAACA	2640
Ds	2641	AGCAATATATTTATCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAAGTATCAAAATGATATTAACA	2640
Ds	2701	TGAATTTTCTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2760
Ds	2701	TGAATTTTCTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2760
Ds	2761	TGAATTTTCTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2820
Ds	2761	TGAATTTTCTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2820
Ds	2821	TGAATTTTCTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2880
Ds	2821	TGAATTTTCTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2880

Db	2821	TCAA	TGCA	TAGT	CTCAA	ACTAA	GAC	CTGCTCAA	AGAA	AAATTA	GAAGAA	ATTTTATTTT	2880	
Qy	2881	TTAAAT	TAAT	TTAA	TTAA	AGAA	AAATTA	TGA	GAATTA	ATTTCA	AGCGAG	AGGTATTACATAA	2940	
Db	2881	TAATAAT	TAATTA	AAAGAA	AAATATG	AGAA	TAATAATTTCAA	AGCGAG	AGGTATTACATAA				2940	
Qy	2941	TCCTATGGG	GAATAA	AGATTTAT	TATATATG	TAA	AGAAACAG	CACTAC	ATATCTAA	TATAA			3000	
Db	2941	TCCTATGGG	GAATAA	AGATTTAT	TATATG	TAA	AGAAACAG	CACTAC	ATATCTAA	TATAA			3000	
Qy	3001	GTCTCA	TAAATG	SAATTA	AAAAA	AGTGTAA	GCACA	CAGTTAT	CCCTAC	AAAAA	CTTTT		3060	
Db	3001	GTCTCA	TAAATG	SAATTA	AAAAA	AGTGTAA	GCACA	CAGTTAT	CCCTAC	AAAAA	CTTTT		3060	
Qy	3061	GTGGGG	GTAGAT	CGATCC	AGAG	TGTTTCC	AGACTCTT	GTCTTAA	AAAAA	TGTTTTTCT			3120	
Db	3061	GTGGGG	GTAGAT	CGATCC	AGAG	TGTTTCC	AGACTCTT	GTCTTAA	AAAAA	TGTTTTTCT			3120	
Qy	3121	AAATPA	GTTGA	AAAGAA	TGTTAT	TATATG	TAATAATGA	AGAA	AAACATAT	CAATATTA			3180	
Db	3121	AAATPA	GTTGA	AAAGAA	TGTTAT	TATATG	TAATAATGA	AGAA	AAACATAT	CAATATTA			3180	
Qy	3181	AAATPA	TAAAGTA	TCAAA	GTAA	CGAAATPA	CAATG	GAATTA	TACTCA	TAAATG	AAAA		3240	
Db	3181	AAATPA	TAAAGTA	TCAAA	GTAA	CGAAATPA	CAATG	GAATTA	TACTCA	TAAATG	AAAA		3240	
Qy	3241	TTTATG	GCGCTTTT	CGTTAA	CA	TAACTTA	GTTTAT	CATTTCTT	TAATTTCC	CTCT			3300	
Db	3241	TTTATG	GCGCTTTT	CGTTAA	CA	TAACTTA	GTTTAT	CATTTCTT	TAATTTCC	CTCT			3300	
Qy	3301	TATTTTTT	TGAAATTA	CTAA	TGCA	ATTTTGG	ATCCTTAG	AGACAT	CTAGTAA	AAATTT			3360	
Db	3301	TATTTTTT	TGAAATTA	CTAA	TGCA	ATTTTGG	ATCCTTAG	AGACAT	CTAGTAA	AAATTT			3360	
Qy	3361	CAGACTA	CAAAAGAT	TAGA	AGCGTTTGG	ATGCTTTT	GAATGCTT	CAAAATTTT	AGTGTG				3420	
Db	3361	CAGACTA	CAAAAGAT	TAGA	AGCGTTTGG	ATGCTTTT	GAATGCTT	CAAAATTTT	AGTGTG				3420	
Qy	3421	GAGAG	AGGAGAA	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	3480	
Db	3421	GAGAG	AGGAGAA	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	CAATG	3480	
Qy	3481	ATPAAT	CACTG	TAAATTTTA	TAA	CCCTG	CTTAT	TAAGTTTAA	C	GCTAT	GTC	TGAAATTC	3540	
Db	3481	ATPAAT	CACTG	TAAATTTTA	TAA	CCCTG	CTTAT	TAAGTTTAA	C	GCTAT	GTC	TGAAATTC	3540	
Qy	3541	TTTAA	ACTCTG	TTCTAA	AGATTTA	TATATTTGA	AGGAG	GGTGTCA	CAAT	CATC	CA	ATTT	3600	
Db	3541	TTTAA	ACTCTG	TTCTAA	AGATTTA	TATATTTGA	AGGAG	GGTGTCA	CAAT	CATC	CA	ATTT	3600	
Qy	3601	TTA	GAGATTC	CGAC	CAATAT	TAGTTTAT	TATGTA	CTAA	TTTTTCA	GAC	ATCTTTG	CGCTG	3660	
Db	3601	TTA	GAGATTC	CGAC	CAATAT	TAGTTTAT	TATGTA	CTAA	TTTTTCA	GAC	ATCTTTG	CGCTG	3660	
Qy	3661	TACTG	ATCAT	TGTTAC	CCCTTTTTT	CTTCA	TGAC	AGC	ATG	CAGG	ATG	CAAC	CGGTAC	3720
Db	3661	TACTG	ATCAT	TGTTAC	CCCTTTTTT	CTTCA	TGAC	AGC	ATG	CAGG	ATG	CAAC	CGGTAC	3720
Qy	3721	GTTAAT	TGCA	TTTGAT	TGATTA	AAAAA	AGCCTAA	AAATAT	TTTGA	ATTTAA	TGGA		3780	
Db	3721	GTTAAT	TGCA	TTTGAT	TGATTA	AAAAA	AGCCTAA	AAATAT	TTTGA	ATTTAA	TGGA		3780	
Qy	3781	AAGGT	TAATTA	TAATTTCTT	TA	CTTGGG	CAG	ACCTATTA	CCCTG	CA	TATTA	TAAGT	3840	
Db	3781	AAGGT	TAATTA	TAATTTCTT	TA	CTTGGG	CAG	ACCTATTA	CCCTG	CA	TATTA	TAAGT	3840	
Qy	3841	GTATTTT	AAAGAT	TA	AAAAAG	TGTTAG	TGTA	CA	AAAAAT	TGAT	TGTA	CA	AAAAAT	3900
Db	3841	GTATTTT	AAAGAT	TA	AAAAAG	TGTTAG	TGTA	CA	AAAAAT	TGAT	TGTA	CA	AAAAAT	3900
Qy	3901	TGAA	AAATTA	TACTA	TAAATG	CAATTTT	TGCA	TATCA	TATG	ATTA	AAAAAT	TATTA	3960	
Db	3901	TGAA	AAATTA	TACTA	TAAATG	CAATTTT	TGCA	TATCA	TATG	ATTA	AAAAAT	TATTA	3960	

```
OY 3961 AAGTCTTATGATTTGATCTTAAAAATATAAAATCATGACAAACATTAAGTAGAGGAAA 4020
    |||||
DB 3961 AAGTCTTATGATTTGATCTTAAAAATATAAAATCATGACAAACATTAAGTAGAGGAAA 4020
OY 4021 GTRATATACAAATACCTCTTCAAGTAGAATCGATTTGTACACACACCTCAAACTACGTT 4080
    |||||
DB 4021 GTRATATACAAATACCTCTTCAAGTAGAATCGATTTGTACACACACCTCAAACTACGTT 4080
OY 4081 TTCTTGCATTTATTTTCTTATTTCTTTTAATGATACAAAGGCTATTAGTCTGTCAA 4140
    |||||
DB 4081 TTCTTGCATTTATTTTCTTATTTCTTTTAATGATACAAAGGCTATTAGTCTGTCAA 4140
OY 4141 AATCTATACATTTGAAAAGCTATCTTTGACGCTGTGACATTCGAGATCGTTGAAACAATG 4200
    |||||
DB 4141 AATCTATACATTTGAAAAGCTATCTTTGACGCTGTGACATTCGAGATCGTTGAAACAATG 4200
OY 4201 GATGAAATGATTTATTTAACTTTGTATTTAAATTTAAATCTAAATTTGTTAAATTTTCAGG 4260
    |||||
DB 4201 GATGAAATGATTTATTTAACTTTGTATTTAAATTTAAATCTAAATTTGTTAAATTTTCAGG 4260
OY 4261 CCTTAACTTCTGCAATTTGCAAAAATTTGAAAGGAAATATCTAAAGGTAATAATGAC 4320
    |||||
DB 4261 CCTTAACTTCTGCAATTTGCAAAAATTTGAAAGGAAATATCTAAAGGTAATAATGAC 4320
OY 4321 AACCAATTCATATCAAAATTTTGAATGACACTAAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
    |||||
DB 4321 AACCAATTCATATCAAAATTTTGAATGACACTAAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
OY 4381 ATGCTTGCAGAAAGGCCCAATTCCTGATGAGGACCATATCAAAATTCATATATTTTC 4440
    |||||
DB 4381 ATGCTTGCAGAAAGGCCCAATTCCTGATGAGGACCATATCAAAATTCATATATTTTC 4440
OY 4441 AAATATCTGATACATATTAATGGAACAGGTTATTTATTTATTTATTTATCCAAATTTA 4500
    |||||
DB 4441 AAATATCTGATACATATTAATGGAACAGGTTATTTATTTATTTATTTATTTATCCAAATTTA 4500
OY 4501 AATGAAAAAAAAGAGATTTTATTTGATTAACATAATTTATTTATTTATTTATTTT 4560
    |||||
DB 4501 AATGAAAAAAAAGAGATTTTATTTGATTAACATAATTTATTTATTTATTTATTTT 4560
OY 4561 TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGGATGTCAAAATGTCAGAGCCACAAATA 4620
    |||||
DB 4561 TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGGATGTCAAAATGTCAGAGCCACAAATA 4620
OY 4621 TTACTTGTGTCAGGTCATGATGATTAAGTACTATTTTACAAATATATCTGTTCCAT 4680
    |||||
DB 4621 TTACTTGTGTCAGGTCATGATGATTAAGTACTATTTTACAAATATATCTGTTCCAT 4680
OY 4681 TTCTCTATTTCAATAAAGGTAGATGATTAATAATTAATTAATCTTTAATTTAATTT 4740
    |||||
DB 4681 TTCTCTATTTCAATAAAGGTAGATGATTAATAATTAATTAATCTTTAATTTAATTT 4740
OY 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTGCTTTATGTTAATGACTTATAGCAATATTAAGGCGCG 4800
    |||||
DB 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTGCTTTATGTTAATGACTTATAGCAATATTAAGGCGCG 4800
OY 4801 TTGATGAGGCGCAATAAAGCAGCTTTAAAAAGTACTTTTAAAGTGTGGAACCTTAT 4860
    |||||
DB 4801 TTGATGAGGCGCAATAAAGCAGCTTTAAAAAGTACTTTTAAAGTGTGGAACCTTAT 4860
OY 4861 TTTAATAATAGCAGTATCGGTTTGATTAAGTGTGTAAGTGTGTAATTCGAAAGCTGAA 4920
    |||||
DB 4861 TTTAATAATAGCAGTATCGGTTTGATTAAGTGTGTAAGTGTGTAATTCGAAAGCTGAA 4920
OY 4921 AAGGGAATAATGGAAGAAATGTTAGGTTATATGAGTTATTTGATTAATAAATATTA 4980
    |||||
DB 4921 AAGGGAATAATGGAAGAAATGTTAGGTTATATGAGTTATTTGATTAATAAATATTA 4980
OY 4981 AGACAAAAAGATTAATAATGAGTCACTTAATAAACAATTATTAAGCTACCTTACC 5040
    |||||
DB 4981 AGACAAAAAGATTAATAATGAGTCACTTAATAAACAATTATTAAGCTACCTTACC 5040

OY 5041 CCAGCTTTTAACTTTGGCTTTAAAAATAGTTTTTTTTTTTTTAAAACTTAATAATAGTTGTT 5100
    |||||
DB 5041 CCAGCTTTTAACTTTGGCTTTAAAAATAGTTTTTTTTTTTTTAAAACTTAATAATAGTTGTT 5100
OY 5101 TTGAGATTCGCAAAAGAGCTTAATTAATGCAAAAACAGCTTTTAATCTGCTTTGACACAG 5160
    |||||
DB 5101 TTGAGATTCGCAAAAGAGCTTAATTAATGCAAAAACAGCTTTTAATCTGCTTTGACACAG 5160
OY 5161 TTTTAAGCTGAGCAAAAGAGCTTTAAAAATGCTGCTTGAATGTCATATATATATTTGA 5220
    |||||
DB 5161 TTTTAAGCTGAGCAAAAGAGCTTTAAAAATGCTGCTTGAATGTCATATATATATTTGA 5220
OY 5221 GCTTTTGAAGTATATATTTATCTTTAAGTTCAATAAAAATACCTTTAACATAG 5280
    |||||
DB 5221 GCTTTTGAAGTATATATTTATCTTTAAGTTCAATAAAAATACCTTTAACATAG 5280
OY 5281 CACATATAGTTATATCAAAAGAGCAAAATGATATATTTTGGGAATTTGAATTAATCACAA 5340
    |||||
DB 5281 CACATATAGTTATATCAAAAGAGCAAAATGATATATTTTGGGAATTTGAATTAATCACAA 5340
OY 5341 GAAAAGGATAGTTCAAAAGTATCAATTTCAATGAAATGGAATATCATTAAGACTTAAT 5400
    |||||
DB 5341 GAAAAGGATAGTTCAAAAGTATCAATTTCAATGAAATGGAATATCATTAAGACTTAAT 5400
OY 5401 TAGAAGATCAATTAATTTGAGGATCAAAAATGTTATTAATCTTAATAATATCTATTCAT 5460
    |||||
DB 5401 TAGAAGATCAATTAATTTGAGGATCAAAAATGTTATTAATCTTAATAATATCTATTCAT 5460
OY 5461 TTTCAATTAATAATTAATTAATTAAGTGTTTTATTAATCTTAATAATAACATGCAATATTA 5520
    |||||
DB 5461 TTTCAATTAATAATTAATTAATTAAGTGTTTTATTAATCTTAATAATAACATGCAATATTA 5520
OY 5521 TTGAGAAATGCTGTTTGTGATCTTATATCTTTCTGAAATTTGCTCTATTTTCTCT 5580
    |||||
DB 5521 TTGAGAAATGCTGTTTGTGATCTTATATCTTTCTGAAATTTGCTCTATTTTCTCT 5580
OY 5581 TTTTATTTTCCATGATTAATTAATGAAAGCTTGAAGCTGGAATTCAGAAAGCTTATGT 5640
    |||||
DB 5581 TTTTATTTTCCATGATTAATTAATGAAAGCTTGAAGCTGGAATTCAGAAAGCTTATGT 5640
OY 5641 GTCTATGTACTGTAATGGAAGCCAAATTAATGCTGTCGGAATATGAGTTAGATCAA 5700
    |||||
DB 5641 GTCTATGTACTGTAATGGAAGCCAAATTAATGCTGTCGTCGGAATATGAGTTAGATCAA 5700
OY 5701 GACTTGGAGGATACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCCATTTTATTTT 5760
    |||||
DB 5701 GACTTGGAGGATACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCCATTTTATTTT 5760
OY 5761 TTTAATTTTATGCAATATCAATATTAAGATTTAATTTGATTTTCACTTTGAAATTTAT 5820
    |||||
DB 5761 TTTAATTTTATGCAATATCAATATTAAGATTTAATTTGATTTTCACTTTGAAATTTAT 5820
OY 5821 AATTGGAATAATGATTTTATTAATGATTTTCTATGTTATATGAAAAAAAATGTTCAAG 5880
    |||||
DB 5821 AATTGGAATAATGATTTTATTAATGATTTTCTATGTTATATGAAAAAAAATGTTCAAG 5880
OY 5881 AACTTCAGATTAATGATCTGCTACTTAAGTGAATGTTGCTTTGTTGAAGTTGCT 5940
    |||||
DB 5881 AACTTCAGATTAATGATCTGCTACTTAAGTGAATGTTGCTTTGTTGAAGTTGCT 5940
OY 5941 TTTATCCAGTTTGGGTCATATTAACCAAACTTATATGAAAGGGCTGCAACGGCCG 6000
    |||||
DB 5941 TTTATCCAGTTTGGGTCATATTAACCAAACTTATATGAAAGGGCTGCAACGGCCG 6000
OY 6001 GCCCAGTATGCTATGATCAATGGAAGATCTACGCTGTTTATTCAGATGACGTTCT 6060
    |||||
DB 6001 GCCCAGTATGCTATGATCAATGGAAGATCTACGCTGTTTATTCAGATGACGTTCT 6060
OY 6061 TGGTGAATGTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
    |||||
DB 6061 TGGTGAATGTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
OY 6121 TGTGCTTTAATAATGTAAGGAGATCTGACAAAGCTTGAACATCAAAATTTCTGAATGCTG 6180
    |||||
```

Db 6121 TGGGTTTAAATGTAAGGAGATCTGACAAAGCTAGCAACATCAATTTCTGAATGTG 6180
Qy 6181 GAAATGCAAGCGTTAGTATCCCATTAATATAGACAAAACATTTGTGATCGAGTTGAA 6240
Db 6181 GAAATGCAAGCGTTAGTATCCCATTAATATAGACAAAACATTTGTGATCGAGTTGAA 6240
Qy 6241 CCATGTATACACAGTAAATTTTATTAAGCAACATTTATATATTTTATTTACTCTT 6300
Db 6241 CCATGTATACACAGTAAATTTTATTAAGCAACATTTATATATTTTATTTACTCTT 6300
Qy 6301 AAATACCTTACATCAATTAATAACTTTGAGATCTTTTCACTAGTAGTAACTTTTGAA 6360
Db 6301 AAATACCTTACATCAATTAATAACTTTGAGATCTTTTCACTAGTAGTAACTTTTGAA 6360
Qy 6361 AGATTTTAAATGATATTCATTAATCTTTTATTTTCTTCTAATTTATGATCTTT 6420
Db 6361 AGATTTTAAATGATATTCATTAATCTTTTATTTTCTTCTAATTTATGATCTTT 6420
Qy 6421 TGGACTATGGCTAAATATCTGTTAAAGTAACTGATATCAATTAAGAAAATGTTGA 6480
Db 6421 TGGACTATGGCTAAATATCTGTTAAAGTAACTGATATCAATTAAGAAAATGTTGA 6480
Qy 6481 TTAATATCTAAATTTTATTAATTTATTAAGCTTATCTAATAATTTTGTATGAATG 6540
Db 6481 TTAATATCTAAATTTTATTAATTTATTAAGCTTATCTAATAATTTTGTATGAATG 6540
Qy 6541 AGAAACCTATACATTAACATTTAGATCAATTTAATATATCTAATAATTTGATTTCAA 6600
Db 6541 AGAAACCTATACATTAACATTTAGATCAATTTAATATATCTAATAATTTGATTTCAA 6600
Qy 6601 TCAATCACTGACTACACAAAGAAATACATGAGATTTCTCAACATATATGATGAAGTCATT 6660
Db 6601 TCAATCACTGACTACACAAAGAAATACATGAGATTTCTCAACATATATGATGAAGTCATT 6660
Qy 6661 CAAAAGCAATCAATATATAGATATATCTTAAAGAGAGCATTTGGGTAAATTAAGTA 6720
Db 6661 CAAAAGCAATCAATATATAGATATATCTTAAAGAGAGCATTTGGGTAAATTAAGTA 6720
Qy 6721 AAAATCTTAATGATTAATTAATTAATTAATCTAATCTGATCTTCAAGATTTTAACTCTT 6780
Db 6721 AAAATCTTAATGATTAATTAATTAATTAATCTAATCTGATCTTCAAGATTTTAACTCTT 6780
Qy 6781 GTTCAGATTTTACAGAGTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAG 6840
Db 6781 GTTCAGATTTTACAGAGTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAG 6840
Qy 6841 TGCACAAAGGTGCGCATTAATTTGATTCAGACACAAACTTTCATGTGAAGAAATTA 6900
Db 6841 TGCACAAAGGTGCGCATTAATTTGATTCAGACACAAACTTTCATGTGAAGAAATTA 6900
Qy 6901 AATGAGAAATATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAGAAACATATCAGAGGCTACGTGCAAAA 6960
Db 6901 AATGAGAAATATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAGAAACATATCAGAGGCTACGTGCAAAA 6960
Qy 6961 TGTCCATTTTAAACAATCTGAACATGTTACACCACTGACCTTCACTAAGAAATTTGAGA 7020
Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATCTGAACATGTTACACCACTGACCTTCACTAAGAAATTTGAGA 7020
Qy 7021 GGAATGAAGCTCTTTGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Db 7021 GGAATGAAGCTCTTTGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Qy 7081 ATGATATATACAAATTAACAAATCTATATCTATGATTAAGAAATTAATTAATTAAT 7140
Db 7081 ATGATATATACAAATTAACAAATCTATATCTATGATTAAGAAATTAATTAATTAAT 7140
Qy 7141 CGGATTAAGATTTTAAATGAAGCTATGATTTCTAATTTTCTAGTCAAAAAGTTTGACGA 7200
Db 7141 CGGATTAAGATTTTAAATGAAGCTATGATTTCTAATTTTCTAGTCAAAAAGTTTGACGA 7200
Qy 7201 TTGTACTTTTAAATGAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCCCTT 7260
Db 7201 TTGTACTTTTAAATGAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCCCTT 7260

Db 7201 TTGTACTTTTAAATGAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCCCTT 7260
Qy 7261 TGGATTTCTTGTGAACTATATGTCATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Db 7261 TGGATTTCTTGTGAACTATATGTCATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Qy 7321 TATTTGTAATGATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Db 7321 TATTTGTAATGATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Qy 7381 GTCTATTAATCTTGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
Db 7381 GTCTATTAATCTTGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
Qy 7441 AGTAAATTAATTAAGAG 7456
Db 7441 AGTAAATTAATTAAGAG 7456

RESULT 2
US-10-691-374-47
Sequence 47, Application US/10691374
Publication No. US2004025032A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: McCallum, Claire
APPLICANT: Slade, Ann J.
APPLICANT: Colbert, Trent
APPLICANT: Knaut, Vic
APPLICANT: Anawah Inc.
TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polylacturonase Activity Caused by Non-
FILE REFERENCE: MBHB 02-276
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374
NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
SOFTWARE: PatentIn version 3.1
SEQ ID NO 47
LENGTH: 7456
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1479)..(1757)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (2416)..(2547)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3327)..(3491)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3696)..(3716)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (4260)..(4467)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (4567)..(4648)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (5602)..(5710)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (6139)..(6255)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:

NAME/KEY: CDS
 LOCATION: (6788)..(7045)
 OTHER INFORMATION:
 US-10-691-374-47

Query Match 100.0%; Score 7454.4; DB 18; Length 7456;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
 Matches 7455; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 AAGCTCTTAAAGGCAATGATTAATTGAGTCAGCAAAATTAATTAATTGATTAAGACATGG 60
 DB 1 AAGCTCTTAAAGGCAATGATTAATTGAGTCAGCAAAATTAATTAATTGATTAAGACATGG 60
 QY 61 TAAAGACCTTAAGAAACCATAGTTGAAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCAACT 120
 DB 61 TAAAGACCTTAAGAAACCATAGTTGAAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCAACT 120
 QY 121 TGAATATATTAATAAAATTTTCATTCGAAAAGGCTTAAATATTTCTCAAGATTCGAA 180
 DB 121 TGAATATATTAATAAAATTTTCATTCGAAAAGGCTTAAATATTTCTCAAGATTCGAA 180
 QY 181 ATGTACAAAACCTACATCCGTCACCTATGATCCGAAAATTAATTAATTAATCCACTT 240
 DB 181 ATGTACAAAACCTACATCCGTCACCTATGATCCGAAAATTAATTAATTAATCCACTT 240
 QY 241 TGAATTAATAATGACCTATATATTAACAAATTCCTAAATTTTAACTATTTTAACTTTA 300
 DB 241 TGAATTAATAATGACCTATATATTAACAAATTCCTAAATTTTAACTATTTTAACTTTA 300
 QY 301 AAAATACATGGCGTTCAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
 DB 301 AAAATACATGGCGTTCAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
 QY 361 ACCAATACCAACTATTAATCATTAATCCCAATTCCTATTCATCAAAATTTGCTT 420
 DB 361 ACCAATACCAACTATTAATCATTAATCCCAATTCCTATTCATCAAAATTTGCTT 420
 QY 421 AAACATCTAATAACAAGAGAAATGTTGAGTCGCAATCGAATCGAAGCAACATCTAATTTA 480
 DB 421 AAACATCTAATAACAAGAGAAATGTTGAGTCGCAATCGAATCGAAGCAACATCTAATTTA 480
 QY 481 GGTGACCGCATATTTAGAGAGACATTCATATAGATTTTTTCAAGATTAATTTGA 540
 DB 481 GGTGACCGCATATTTAGAGAGACATTCATATAGATTTTTTCAAGATTAATTTGA 540
 QY 541 AATTTAAGATTAATGTTAAAGAGTAGTACACCGAATTAATTCATGCCCTTTTAAATA 600
 DB 541 AATTTAAGATTAATGTTAAAGAGTAGTACACCGAATTAATTCATGCCCTTTTAAATA 600
 QY 601 TAAATTAATAATATTAATGATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 660
 DB 601 TAAATTAATAATATTAATGATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 660
 QY 661 AAAAATTTATCTAATTAAGTACATCACTAATTTGAGAGAGATTAATTAAGATGAACATA 720
 DB 661 AAAAATTTATCTAATTAAGTACATCACTAATTTGAGAGAGATTAATTAAGATGAACATA 720
 QY 721 GTGTTTAATAGAAATGAGATGGTATGAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
 DB 721 GTGTTTAATAGAAATGAGATGGTATGAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
 QY 781 TTATAACAATATTTAGAGCGCATGTATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 840
 DB 781 TTATAACAATATTTAGAGCGCATGTATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 840
 QY 841 ACCGTTAGATTAATGCTCAATTTTGAACCAAAAGTGATGAGAGGATTTTGAAGCC 900
 DB 841 ACCGTTAGATTAATGCTCAATTTTGAACCAAAAGTGATGAGAGGATTTTGAAGCC 900
 QY 901 AATAGGGGATGAGAGATTTTGAAGCCAAATATGTATGATGAGAGGATTAATTTGT 960
 DB 901 AATAGGGGATGAGAGATTTTGAAGCCAAATATGTATGATGAGAGGATTAATTTGT 960

QY 961 ATCATTTCTAATACCTTTAAAGATATTTTAGTCATTTCCCTTCTTAGTTATAGACTA 1020
 DB 961 ATCATTTCTAATACCTTTAAAGATATTTTAGTCATTTCCCTTCTTAGTTATAGACTA 1020
 QY 1021 TAGGTAGTTCATCGAATATCATCTATTAATTCGCGCTTAAATTTTATTTTATTA 1080
 DB 1021 TAGGTAGTTCATCGAATATCATCTATTAATTCGCGCTTAAATTTTATTTTATTA 1080
 QY 1081 AATTTTAAATAATTAATTAATTTTTCATTTTCAATTTGATGTATTAATTTTAAAAA 1140
 DB 1081 AATTTTAAATAATTAATTAATTTTTCATTTTCAATTTGATGTATTAATTTTAAAAA 1140
 QY 1141 TTACCAACATTAATTAATTAATTTTAAACATCATTAATTAACAAATTTGACATAATTTTAA 1200
 DB 1141 TTACCAACATTAATTAATTAATTTTAAACATCATTAATTAACAAATTTGACATAATTTTAA 1200
 QY 1201 TTAATCAAAATTAATTTTAAACATCATTAATTAAGAAATTCGACAAAATTAATGAGAC 1260
 DB 1201 TTAATCAAAATTAATTTTAAACATCATTAATTAAGAAATTCGACAAAATTAATGAGAC 1260
 QY 1261 GGGAGAGACAGCCGACGACAAAATGTCGAGAAAATCTTTGCTTAAATATCTCATC 1320
 DB 1261 GGGAGAGACAGCCGACGACAAAATGTCGAGAAAATCTTTGCTTAAATATCTCATC 1320
 QY 1321 CAAACTAATTAATACCATTAATTAACATTAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
 DB 1321 CAAACTAATTAATACCATTAATTAACATTAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
 QY 1381 TATTAATTAACAAACCTTCCCATACCTTTATCATTAATAAAATTAATTTTTCGA 1440
 DB 1381 TATTAATTAACAAACCTTCCCATACCTTTATCATTAATAAAATTAATTTTTCGA 1440
 QY 1441 TGAAGAGTTTAAACCAATTAACATTAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
 DB 1441 TGAAGAGTTTAAACCAATTAACATTAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
 QY 1501 TTCTCCTTCATTAATTTTGTTCATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560
 DB 1501 TTCTCCTTCATTAATTTTGTTCATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560
 QY 1561 ATGACATTTTATCAACAGTTTATGTAATTAATTTTGAACAAATTTGCTCATGAT 1620
 DB 1561 ATGACATTTTATCAACAGTTTATGTAATTAATTTTGAACAAATTTGCTCATGAT 1620
 QY 1621 TTCAAGCTTATCTTTCTAATTTGAGCAAAATTAATTTGAAGCAATTAATTTGAACAG 1680
 DB 1621 TTCAAGCTTATCTTTCTAATTTGAGCAAAATTAATTTGAAGCAATTAATTTGAACAG 1680
 QY 1681 TTGATTAATAATGGAATTAAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
 DB 1681 TTGATTAATAATGGAATTAAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
 QY 1741 AAACATAGATTAATTTGTAAGTATTAATTAATTTGAATTAATTTGAGGATGAATAATG 1800
 DB 1741 AAACATAGATTAATTTGTAAGTATTAATTAATTTGAATTAATTTGAGGATGAATAATG 1800
 QY 1801 ATTAAGAAATTAAGAAATTAATTTGAGAGATGAAGAAATTAATTTTAATTAATTAATTAAT 1860
 DB 1801 ATTAAGAAATTAAGAAATTAATTTGAGAGATGAAGAAATTAATTTTAATTAATTAATTAAT 1860
 QY 1861 AATTTTCGTTTTTATTAATTAAGTGAATAATTAATTTCTGTTAAGGAGAAAGCTAT 1920
 DB 1861 AATTTTCGTTTTTATTAATTAAGTGAATAATTAATTTCTGTTAAGGAGAAAGCTAT 1920
 QY 1921 TTTCATGATTAATGATTTTATTTTAACTTTAATTAATTAATTAATTAATTTGCTATATCTC 1980
 DB 1921 TTTCATGATTAATGATTTTATTTTAACTTTAATTAATTAATTAATTTGCTATATCTC 1980
 QY 1981 AAGATTAAGACACTTATTAATTAATTTAGTCTCGAAAGAAATTAATTAATTTTGA 2040
 DB 1981 AAGATTAAGACACTTATTAATTAATTTAGTCTCGAAAGAAATTAATTAATTTTGA 2040
 QY 2041 CTTAATATTAATCAATTTCTTAATTAATTAATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCGTAAT 2100

|||||
Db 2041 CTTAATTAATCTATCAATTTCTTATATGTATATTTTCAACCAAAATPACAAAGCTAT 2100
Qy 2101 CCATAAGTGGGCGCTCTAGATTAAGAATAGTCTTATGCAATCTTACCTTTTAT 2160
Db 2101 CCAATAAGTGGGCGCTCTAGATTAAGAATAGTCTTATGCAATCTTACCTTTTAT 2160
Qy 2161 TTTAGTGGAAAACCTCGACAAAGAAAGAAAGTATTCAACTTTTATATCGGAATTCG 2220
Db 2161 TTTAGTGGAAAACCTCGACAAAGAAAGAAAGTATTCAACTTTTATATCGGAATTCG 2220
Qy 2221 AGACCAACCATATGAAACAACCTCAACAATGATATAGCTTAAATATATATTTTCTA 2280
Db 2221 AGACCAACCATATGAAACAACCTCAACAATGATATAGCTTAAATATATATTTTCTA 2280
Qy 2281 AAAAATATCTTCATCTTACCTATTTGAAATATTTGAAAAATGACTTTTATCTATCGAACA 2340
Db 2281 AAAAATATCTTCATCTTACCTATTTGAAATATTTGAAAAATGACTTTTATCTATCGAACA 2340
Qy 2341 CATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTACCATACATTTGGTATGTTTCTTATCGATTC 2400
Db 2341 CATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTACCATACATTTGGTATGTTTCTTATCGATTC 2400
Qy 2401 AAAATATCTTTGAGGCAATTTGACCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCAATGAAACACT 2460
Db 2401 AAAATATCTTTGAGGCAATTTGACCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCAATGAAACACT 2460
Qy 2461 GTTCAATTTGAGTTCCTTAAACAAAGATATCTTCAAGCAATCACTTTTCAGGT 2520
Db 2461 GTTCAATTTGAGTTCCTTAAACAAAGATATCTTCAAGCAATCACTTTTCAGGT 2520
Qy 2521 CCATGCAAGATCTTCAATTTGAGTTCAGTATGATTTATTTTATATCCCTTTGTT 2580
Db 2521 CCATGCAAGATCTTCAATTTGAGTTCAGTATGATTTATTTATATCCCTTTGTT 2580
Qy 2581 AGCAATATATATCTGTTTATGACAAATTTAAAGAAATGATCAAGATGATPAAACAA 2640
Db 2581 AGCAATATATATCTGTTTATGACAAATTTAAAGAAATGATCAAGATGATPAAACAA 2640
Qy 2641 TGAATTTTCCCTCATTAATTTAGCGGATTTAGAGAAATATCAAAATGTTATGTTAGCTA 2700
Db 2641 TGAATTTTCCCTCATTAATTTAGCGGATTTAGAGAAATATCAAAATGTTATGTTAGCTA 2700
Qy 2701 TGAACAATTAATAGCTATGATTAAGCTAGTGAAGAAATGATGCTATATTTTCTT 2760
Db 2701 TGAACAATTAATAGCTATGATTAAGCTAGTGAAGAAATGATGCTATATTTTCTT 2760
Qy 2761 TGTAGATTAAGATATTTGAAACACATGATTAATTTATTTATTTATGCTTAATTAATG 2820
Db 2761 TGTAGATTAAGATATTTGAAACACATGATTAATTTATTTATTTATGCTTAATTAATG 2820
Qy 2821 TCAATGATTAATGCTTAAACCTGCTCAAAAGAAATTAAGAAAGAAATATTTATTTT 2880
Db 2821 TCAATGATTAATGCTTAAACCTGCTCAAAAGAAATTAAGAAAGAAATATTTATTTT 2880
Qy 2881 TAAATTAATTAATTAAGAAAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2940
Db 2881 TAAATTAATTAATTAAGAAAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2940
Qy 2941 TCTATGAGGATTAAGAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3000
Db 2941 TCTATGAGGATTAAGAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3000
Qy 3001 GTCTCATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3060
Db 3001 GTCTCATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3060
Qy 3061 GTGGGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3120
Db 3061 GTGGGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3120
Qy 3121 AATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3180
Db 3121 AATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3180

|||||
Db 3121 AATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3180
Qy 3181 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3240
Db 3181 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3240
Qy 3241 TTTAGTGGCTTTTCTGTTACATTAATCTTATGTTTATGATTTTCTTTAAATTTCCCTCT 3300
Db 3241 TTTAGTGGCTTTTCTGTTACATTAATCTTATGTTTATGATTTTCTTTAAATTTCCCTCT 3300
Qy 3301 TATTTTCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3360
Db 3301 TATTTTCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3360
Qy 3361 CAGACTACAAAGATGAAAGGCTTGAATGCTTTTGAATGATTTGAATTTGATTTGTTG 3420
Db 3361 CAGACTACAAAGATGAAAGGCTTGAATGCTTTTGAATGATTTGAATTTGATTTGTTG 3420
Qy 3421 GAGAGAGGAACTATCAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAAT 3480
Db 3421 GAGAGAGGAACTATCAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAAT 3480
Qy 3481 ATTAATCACTGTTATTTTAACTTCTTATTAATGTTTAACTTATGCTTATGCTGCAATTC 3540
Db 3481 ATTAATCACTGTTATTTTAACTTCTTATTAATGTTTAACTTATGCTTATGCTGCAATTC 3540
Qy 3541 TTTAACTTGTCTTAAAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3600
Db 3541 TTTAACTTGTCTTAAAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3600
Qy 3601 TTAGAGATTCGACCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3660
Db 3601 TTAGAGATTCGACCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3660
Qy 3661 TACTGATCAATTTGTAATTTTCTTATGATGACGACATGACGAGGATGACCAACGCTAC 3720
Db 3661 TACTGATCAATTTGTAATTTTCTTATGATGACGACATGACGAGGATGACCAACGCTAC 3720
Qy 3721 GTTAATGCAATTTGATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3780
Db 3721 GTTAATGCAATTTGATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3780
Qy 3781 AAGGTTAATTAATTTCTTAACTTTGAGCAGACCTATTAACCTTGTGACTATTTATAGT 3840
Db 3781 AAGGTTAATTAATTTCTTAACTTTGAGCAGACCTATTAACCTTGTGACTATTTATAGT 3840
Qy 3841 GTATTTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3900
Db 3841 GTATTTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3900
Qy 3901 TGAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3960
Db 3901 TGAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3960
Qy 3961 AAGGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4020
Db 3961 AAGGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4020
Qy 4021 GTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4080
Db 4021 GTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4080
Qy 4081 TTTCTGATTTAATTTCTTAAATTTCTTAAATTTCTTAAATTTCTTAAATTTCTTAAATTT 4140
Db 4081 TTTCTGATTTAATTTCTTAAATTTCTTAAATTTCTTAAATTTCTTAAATTTCTTAAATTT 4140
Qy 4141 AATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4200
Db 4141 AATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4200
Qy 4201 GATGAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4260
Db 4201 GATGAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4260

QY	4261	CCTTAACCTTCTGGAATTGCAAAAATTTGAAAGTGAATTAATCTAAGAGTAAATAATGChC	4320	QY	5341	GAAGAGGATGATCAAGATGTCATTTCAATGAAATGAGATATGCTAAAGCTAAAT	5400
Db	4261	CTTTAACTTCTGGAATTGCAAAAATTTGAAAGTGAATTAATCTAAGAGTAAATAATGChC	4320	Db	5341	GAAGAGGATGATCAAGATGTCATTTCAATGAAATGAGATATGCTAAAGCTAAAT	5400
QY	4321	AACAAATTCATATCAAAATTTGAGTCATGCACTAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA	4380	QY	5401	TAGAAGATCAATATTTAGAGGATCAAAAATGTTATTAATCTTATTAATAATACATTTCCAT	5460
Db	4321	AACAAATTCATATCAAAATTTGAGTCATGCACTAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA	4380	Db	5401	TAGAAGATCAATATTTAGAGGATCAAAAATGTTATTAATCTTATTAATAATACATTTCCAT	5460
QY	4381	ATGCTTCAGCAAAAGAGCCCAATACTGATGAGTCCATGATCAAAATCTCATATATATTC	4440	QY	5461	TTTCATATTAATAATTAATTAAGATGTTTATTAATCTTAATCAATTAATAATGCAATTAAT	5520
Db	4381	ATGCTTCAGCAAAAGAGCCCAATACTGATGAGTCCATGATCAAAATCTCATATATATTC	4440	Db	5461	TTTCATATTAATAATTAATTAAGATGTTTATTAATCTTAATCAATTAATAATGCAATTAAT	5520
QY	4441	AAATATCTGATATCTATTTATTTGCAACAGTTTATTTAATTTATTTATTTATTCACAAATTA	4500	QY	5521	TTGACGAATGAGGTTTGGTATCTTAATCTTTCTGAAATATTTGCTATATTTTCTCT	5580
Db	4441	AAATATCTGATATCTATTTATTTGCAACAGTTTATTTAATTTATTTATTTATTCACAAATTA	4500	Db	5521	TTGACGAATGAGGTTTGGTATCTTAATCTTTCTGAAATATTTGCTATATTTTCTCT	5580
QY	4501	ATTAGAAAAAAGAGATATTTTATTTGATTAATTAATTTAATTTTAAATTTT	4560	QY	5581	TTTTATTTTTCATGAGATTAATTAATGAGCTTAGAATCTGGAATTCAGAACTTATGAT	5640
Db	4501	ATTAGAAAAAAGAGATATTTTATTTGATTAATTAATTTAATTTTAAATTTT	4560	Db	5581	TTTTATTTTTCATGAGATTAATTAATGAGCTTAGAATCTGGAATTCAGAACTTATGAT	5640
QY	4561	TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGTCAGGCGCAATA	4620	QY	5641	GTCATATGTTACTGTAATGAAGCCAAATTAATGCGTGCAGAAAAATGAGTTAGGATCA	5700
Db	4561	TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGTCAGGCGCAATA	4620	Db	5641	GTCATATGTTACTGTAATGAAGCCAAATTAATGCGTGCAGAAAAATGAGTTAGGATCA	5700
QY	4621	TTACTTGTGTCAGGTCATGATTAAGGTAATTTTACAATATATCTGTTTCCAT	4680	QY	5701	GACTGCGAGTACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCCATTTTTTAAATTTT	5760
Db	4621	TTACTTGTGTCAGGTCATGATTAAGGTAATTTTACAATATATCTGTTTCCAT	4680	Db	5701	GACTGCGAGTACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCCATTTTTTAAATTTT	5760
QY	4681	TTTCTCTATTCATTAAGATAGTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	4740	QY	5761	TTAAATTTTATTCGAATATCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5820
Db	4681	TTTCTCTATTCATTAAGATAGTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	4740	Db	5761	TTAAATTTTATTCGAATATCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5820
QY	4741	TATTTGCAAAATTTTCTCTGTTATGTTATGATGACTTACGACAAATATTAATTAATTAATTAAT	4800	QY	5821	ATTTGATTAATGATATGATTTTATTAATGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5880
Db	4741	TATTTGCAAAATTTTCTCTGTTATGTTATGATGACTTACGACAAATATTAATTAATTAATTAAT	4800	Db	5821	ATTTGATTAATGATATGATTTTATTAATGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5880
QY	4801	TTTGGATGCGGGAATTAAGAGCTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	4860	QY	5881	AACTTCAATTAATTTATCTGATCTGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5940
Db	4801	TTTGGATGCGGGAATTAAGAGCTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	4860	Db	5881	AACTTCAATTAATTTATCTGATCTGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5940
QY	4861	TTTAAATTAAGCACTTATGCGTTTGAATTAAGGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	4920	QY	5941	TTATCAAGTTTGGTCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6000
Db	4861	TTTAAATTAAGCACTTATGCGTTTGAATTAAGGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	4920	Db	5941	TTATCAAGTTTGGTCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6000
QY	4921	AAAGGAAAAATGAAAGAAATGTTAGGTTATGAGGTTATTTGATTAATAATTAATTAATTAATTAAT	4980	QY	6001	GCCCATGTCGTGATCAATTAAGAAATCTGATCTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6060
Db	4921	AAAGGAAAAATGAAAGAAATGTTAGGTTATGAGGTTATTTGATTAATAATTAATTAATTAATTAAT	4980	Db	6001	GCCCATGTCGTGATCAATTAAGAAATCTGATCTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6060
QY	4981	AGCACAAAAAGATTAATAATGTCGCACTTAATAACAATTAAGCTTACCTTAC	5040	QY	6061	TGTTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6120
Db	4981	AGCACAAAAAGATTAATAATGTCGCACTTAATAACAATTAAGCTTACCTTAC	5040	Db	6061	TGTTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6120
QY	5041	CCAGCTTTTAACTTTGCTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	5100	QY	6121	TGTTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6180
Db	5041	CCAGCTTTTAACTTTGCTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	5100	Db	6121	TGTTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6180
QY	5101	TTGAGTATTCGCAAAAGAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5160	QY	6181	GAATGCAAGAGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6240
Db	5101	TTGAGTATTCGCAAAAGAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5160	Db	6181	GAATGCAAGAGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6240
QY	5161	TTTTAAGCTGAGCAAAAGAGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5220	QY	6241	CCATGATTAACAAGGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6300
Db	5161	TTTTAAGCTGAGCAAAAGAGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5220	Db	6241	CCATGATTAACAAGGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6300
QY	5221	GCTTTTGAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5280	QY	6301	AAATCACTTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6360
Db	5221	GCTTTTGAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5280	Db	6301	AAATCACTTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6360
QY	5281	CAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5340	QY	6361	AGATTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6420
Db	5281	CAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5340	Db	6361	AGATTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6420
QY	5341	TGAGATATGCTTAAATAATCTTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5400	QY	6421	TGAGATATGCTTAAATAATCTTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6480
Db	5341	TGAGATATGCTTAAATAATCTTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5400	Db	6421	TGAGATATGCTTAAATAATCTTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6480


```

Db      6421 TGGAGTATGCTTAAATCTGTTAAAGTAACTGATATCATTAAGAAAAATGTTAGA 6480
Qy      6481 TTATATCTAAATTTTATTAATATTAAGCGTTATCTAATATTTGTATGTAAAGTTG 6540
Db      6481 TTATATCTAAATTTTATTAATATTAAGCGTTATCTAATATTTGTATGTAAAGTTG 6540
Qy      6541 AGAAACATATACATTAACATTTAGATTCAAAATTAATATCTAATAATTTGATTCAAA 6600
Db      6541 AGAAACATATACATTAACATTTAGATTCAAAATTAATATCTAATAATTTGATTCAAA 6600
Qy      6601 TCAATCATGACTACACAAACGAATACATGACAGATTCTCAACATATATGATGAACTATT 6660
Db      6601 TCAATCATGACTACACAAACGAATACATGACAGATTCTCAACATATATGATGAACTATT 6660
Qy      6661 CAAAACGAATCAATATATAGTATATCTTAAAGAGGCGTTGGGTTAAATTAAGTA 6720
Db      6661 CAAAACGAATCAATATATAGTATATCTTAAAGAGGCGTTGGGTTAAATTAAGTA 6720
Qy      6721 AAAATCATTAAGTATATTAATTAATTAATCTGATCTGACGATTATTTATCACTTT 6780
Db      6721 AAAATCATTAAGTATATTAATTAATTAATCTGATCTGACGATTATTTATCACTTT 6780
Qy      6781 GTTCAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGACAGAG 6840
Db      6781 GTTCAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGACAGAG 6840
Qy      6841 TGCACAAAGGTGCGCTAAATTTGATGTGACACAACTTTCCATGTGAGAAATTTAT 6900
Db      6841 TGCACAAAGGTGCGCTAAATTTGATGTGACACAACTTTCCATGTGAGAAATTTAT 6900
Qy      6901 AATGGAATATATAATTTAGTAGGAGGAAAGTGAAGAAACATCAGAGGCTACGTCAAAA 6960
Db      6901 AATGGAATATATAATTTAGTAGGAGGAAAGTGAAGAAACATCAGAGGCTACGTCAAAA 6960
Qy      6961 TGTCCATTTTAAACAATCTGAACATGTTACACACACGCTTCACTAGAAATTTGAGA 7020
Db      6961 TGTCCATTTTAAACAATCTGAACATGTTACACACACGCTTCACTAGAAATTTGAGA 7020
Qy      7021 GGATGAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATCTATGATCTTCAATATATGCGAT 7080
Db      7021 GGATGAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATCTATGATCTTCAATATATGCGAT 7080
Qy      7081 ATGATATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATGATTAATTAATTAATGTA 7140
Db      7081 ATGATATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATGATTAATTAATTAATGTA 7140
Qy      7141 CGGATGAAGTTTAAATAGACTATGATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGA 7200
Db      7141 CGGATGAAGTTTAAATAGACTATGATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGA 7200
Qy      7201 TTGTACTTTTAAATAGTACAAAATTAATTAATTAATGATGATATATCCCTT 7260
Db      7201 TTGTACTTTTAAATAGTACAAAATTAATTAATTAATGATGATATATCCCTT 7260
Qy      7261 TGGATTTCTGTTGAATCTAATATGATTAATTAATTAATATATGCGCATGATG 7320
Db      7261 TGGATTTCTGTTGAATCTAATATGATTAATTAATTAATATATGCGCATGATG 7320
Qy      7321 TATTTGTAATGATACATATATATCTTTCATCATGATTAATTAAGAAATTTTAC 7380
Db      7321 TATTTGTAATGATACATATATATCTTTCATCATGATTAATTAAGAAATTTTAC 7380
Qy      7381 GTCTATTAATCTTGTGAATTAATATGATGATTTAGTTTGTATTTTAAATTAACCG 7440
Db      7381 GTCTATTAATCTTGTGAATTAATATGATGATTTAGTTTGTATTTTAAATTAACCG 7440
Qy      7441 AGTGAATATTAAGAG 7456
Db      7441 AGTGAATATTAAGAG 7456

```

```

US-10-691-374-49
; Sequence 49, Application US/10691374
; Publication No. US20040250322A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: McCallum, Claire
; APPLICANT: Slade, Ann J.
; APPLICANT: Colbert, Trent
; APPLICANT: Knaf, Vic
; APPLICANT: Anawh Inc.
; TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-
; FILE REFERENCE: MHB 02-276
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374
; CURRENT FILING DATE: 2003-10-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 49
; LENGTH: 7456
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lycopersicon esculentum
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1479)..(1757)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (2416)..(2547)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (3327)..(3491)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (3696)..(3716)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (4260)..(4467)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (4567)..(4648)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (5602)..(5710)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (6139)..(6255)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (6788)..(7045)
; OTHER INFORMATION:
; US-10-691-374-49

Query Match 100.0%; Score 7454.4; DB 18; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7455; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

Qy      1 AAGCTTTTAAAGGAAATTTGATTAATTTGAAGTCAAAATATTAATTAATCAATGG 60
Db      1 AAGCTTTTAAAGGAAATTTGATTAATTTGAAGTCAAAATATTAATTAATCAATGG 60
Qy      61 TAAAGCACTTAAGAAACATATGTTGAAGTTAACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Db      61 TAAAGCACTTAAGAAACATATGTTGAAGTTAACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Qy      121 TGATTAATATTAATTAATTTCAATTCGAAAGGCGCTAAATATTTCTCAAGATTTGAA 180
Db      121 TGATTAATATTAATTAATTTCAATTCGAAAGGCGCTAAATATTTCTCAAGATTTGAA 180

```

QY 181 ATGGTCAAAAACCTACCATCGTCCACCTATGACTCCAAAATTAATATATATCCACTT 240
DB 181 ATGGTCAAAAACCTACCATCGTCCACCTATGACTCCAAAATTAATATATATCCACTT 240
QY 241 TGGATTAAAAATTGACTACTTATATATACAAATCTAAATTTAAACATATTTAACTTTA 300
DB 241 TGGATTAAAAATTGACTACTTATATATACAAATCTAAATTTAAACATATTTAACTTTA 300
QY 301 AAAATCATGGCGGTCAAAATTTTAAATATATATATTTAAATGATATCTTTATTAACCA 360
DB 301 AAAATCATGGCGGTCAAAATTTTAAATATATATATTTAAATGATATCTTTATTAACCA 360
QY 361 ACCAATCACTCACTAT 420
DB 361 ACCAATCACTCACTAT 420
QY 421 AAAACCTACTAAAAACAAGCAAAATTTGTCGAGTCGAAATCGAACCAATCTATATTA 480
DB 421 AAAACCTACTAAAAACAAGCAAAATTTGTCGAGTCGAAATCGAACCAATCTATATTA 480
QY 481 GGTGAGCCGCAATTTAGAGAGACACTTCAATGATATTTTTCAGCAATGAAATTTGA 540
DB 481 GGTGAGCCGCAATTTAGAGAGACACTTCAATGATATTTTTCAGCAATGAAATTTGA 540
QY 541 AATTTAAGATTATGATTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTA 600
DB 541 AATTTAAGATTATGATTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTA 600
QY 601 TAAAT 660
DB 601 TAAAT 660
QY 661 AAAAATATCTATTAAGTACATCAATATTTGAGACGAGAAATATTAAGAATGAATGA 720
DB 661 AAAAATATCTATTAAGTACATCAATATTTGAGACGAGAAATATTAAGAATGAATGA 720
QY 721 GTGTTTAAATGATTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAG 780
DB 721 GTGTTTAAATGATTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAG 780
QY 781 TTAATACAAATATTTGAGCGCATGATTTTAAATATTTAAATAGTTGAATTTTAA 840
DB 781 TTAATACAAATATTTGAGCGCATGATTTTAAATATTTAAATAGTTGAATTTTAA 840
QY 841 ACCGTTGAATTAAGTCAATTTTGAACCAAAAGTGAAGAGGTAATTTTGAAGCC 900
DB 841 ACCGTTGAATTAAGTCAATTTTGAACCAAAAGTGAAGAGGTAATTTTGAAGCC 900
QY 901 AATAGGGGAGTGAAGAGATTTTGAAGCAATATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
DB 901 AATAGGGGAGTGAAGAGATTTTGAAGCAATATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
QY 961 ATCATTTCTAATCTTTAAAGATATTTAGTCAATTTCCCTCTTTAGTTATAGACTA 1020
DB 961 ATCATTTCTAATCTTTAAAGATATTTAGTCAATTTCCCTCTTTAGTTATAGACTA 1020
QY 1021 TAGGTAGTCAATCGAATCATCTATATTTCCGCTTAAATTTATTTTATATTTATA 1080
DB 1021 TAGGTAGTCAATCGAATCATCTATATTTCCGCTTAAATTTATTTTATATTTATA 1080
QY 1081 AATTTTAAAAATTAATATATTTTTCATTTAATCTTTGATTTGATTTATTTTAAAA 1140
DB 1081 AATTTTAAAAATTAATATATTTTTCATTTAATCTTTGATTTGATTTATTTTAAAA 1140
QY 1141 TTACCAACATTAATTAATTAATTTTATTAACAAAGATTTGAACATATATTTTATA 1200
DB 1141 TTACCAACATTAATTAATTAATTTTATTAACAAAGATTTGAACATATATTTTATA 1200
QY 1201 TTAATCAAAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATGACCAAAAAATTTGAGAC 1260
DB 1201 TTAATCAAAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATGACCAAAAAATTTGAGAC 1260

QY 1261 GGGAGAAACAGGCAAGCAAAAAATGTCAGAGAACTTTTGGTAAATATCTCATC 1320
DB 1261 GGGAGAAACAGGCAAGCAAAAAATGTCAGAGAACTTTTGGTAAATATCTCATC 1320
QY 1321 CAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1380
DB 1321 CAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1380
QY 1381 TATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTATATATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440
DB 1381 TATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTATATATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440
QY 1441 TAGCAAGTTTAAAAACATACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1500
DB 1441 TAGCAAGTTTAAAAACATACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1500
QY 1501 TTCTCTCTCATATTAATTTTGGTCAATTTGCACTTTGAGAGCAATGTTATTTG 1560
DB 1501 TTCTCTCTCATATTAATTTTGGTCAATTTGCACTTTGAGAGCAATGTTATTTG 1560
QY 1561 ATGACAAATTTATCAAAACAGTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
DB 1561 ATGACAAATTTATCAAAACAGTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
QY 1621 TTCAAGCTATCTTTCTTTTGAAGCAAAATTTGAAAGCAATTAATTTGAAG 1680
DB 1621 TTCAAGCTATCTTTCTTTTGAAGCAAAATTTGAAAGCAATTAATTTGAAG 1680
QY 1681 TTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740
DB 1681 TTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740
QY 1741 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1800
DB 1741 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1800
QY 1801 ATAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860
DB 1801 ATAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860
QY 1861 AATTTCTGTTTTAGTATTAAGTGAATGATTTCTCGTTAAGGAGGAAAGCTAT 1920
DB 1861 AATTTCTGTTTTAGTATTAAGTGAATGATTTCTCGTTAAGGAGGAAAGCTAT 1920
QY 1921 TTTCATGATTAATCTGATTTTCTTTTAACTTTTAAACGTCATATTTGCTATCTC 1980
DB 1921 TTTCATGATTAATCTGATTTTCTTTTAACTTTTAAACGTCATATTTGCTATCTC 1980
QY 1981 AAGATTAAGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2040
DB 1981 AAGATTAAGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2040
QY 2041 CTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2100
DB 2041 CTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2100
QY 2101 CCAATTAATGAGGCTCTAGAAATTAAGTAAGTCTAATTAATTTTAACTTAATTAAT 2160
DB 2101 CCAATTAATGAGGCTCTAGAAATTAAGTAAGTCTAATTAATTTTAACTTAATTAAT 2160
QY 2161 TTTTGTGAAAACCTCGCAAAAAAGAAAGAAAGCTATTAATTTTAACTTTTAACTTTG 2220
DB 2161 TTTTGTGAAAACCTCGCAAAAAAGAAAGAAAGCTATTAATTTTAACTTTTAACTTTG 2220
QY 2221 AGACCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2280
DB 2221 AGACCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2280
QY 2281 AAAAATTAATCTTCAATCTACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2340
DB 2281 AAAAATTAATCTTCAATCTACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2340
QY 2341 CATATCAAGAGTTTCTTTTAAAGATTTTCACTACATTTGGTATGTTCTTATGCTGTT 2400

Db	2341	CAATATCAAGATTCTTTTAAAGATTACACATCACTTGGTATGTTCTTATCGGTT	2400
Qy	2401	AAATATATCTTCGAGCATTTAGACAGCATGAAATGAGCATGTCATCAGAACCT	2460
Db	2401	AAATATATCTTCGAGCATTTAGACAGCATGAAATGAGCATGTCATCAGAACCT	2460
Qy	2461	GTTCAATTTTGTTGTTCTTAAAGAAATATATCTTCAGCAAAATCACCTTTTCAGGT	2520
Db	2461	GTTCAATTTTGTTGTTCTTAAAGAAATATATCTTCAGCAAAATCACCTTTTCAGGT	2520
Qy	2521	CCATGCAATCTTCTATTTTCAGTAAGGTTAGCATATTGATTTATATCTCTTGGT	2580
Db	2521	CCATGCAATCTTCTATTTTCAGTAAGGTTAGCATATTGATTTATATCTCTTGGT	2580
Qy	2581	AGCAATATATATGCTGTTATGACAAATTTAGAAAGTAATCAAGATGATTAACAA	2640
Db	2581	AGCAATATATATGCTGTTATGACAAATTTAGAAAGTAATCAAGATGATTAACAA	2640
Qy	2641	TGAATTTTCGTCATTAATTTAGCGGATTTAGAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2700
Db	2641	TGAATTTTCGTCATTAATTTAGCGGATTTAGAGAAATTAACAATGTTATGTTAGCTA	2700
Qy	2701	TGAGCAACTTAGCTATGAAATTAAGTGAAGAAATTTGATGCTAATTTCTATTTT	2760
Db	2701	TGAGCAACTTAGCTATGAAATTAAGTGAAGAAATTTGATGCTAATTTCTATTTT	2760
Qy	2761	TGTAAGTAAGATTAATTTGAAACACATGATTAATTTATTTATTTATGCTAATTAATG	2820
Db	2761	TGTAAGTAAGATTAATTTGAAACACATGATTAATTTATTTATTTATGCTAATTAATG	2820
Qy	2821	TCAATGATAGTTCAAACTAAGAACTGTCAAAGAAATTAAGAAATTAATTTATTTT	2880
Db	2821	TCAATGATAGTTCAAACTAAGAACTGTCAAAGAAATTAAGAAATTAATTTATTTT	2880
Qy	2881	TAAATTAATTTAAAGAAATTAAGAAATTAATTTCAAGGAGAAATTTATTAATTA	2940
Db	2881	TAAATTAATTTAAAGAAATTAAGAAATTAATTTCAAGGAGAAATTTATTAATTA	2940
Qy	2941	TCTATGGGATTAAGAAATTAATTAATTTATTAAGAAACAGCATTCATCTTAATTA	3000
Db	2941	TCTATGGGATTAAGAAATTAATTAATTTATTAAGAAACAGCATTCATCTTAATTA	3000
Qy	3001	GTCCTAATAATGATATTAATAAATAGTGTAGCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTT	3060
Db	3001	GTCCTAATAATGATATTAATAAATAGTGTAGCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTT	3060
Qy	3061	GTTGGGATAGTCGATCCAGAGGTTGTTCCAGACTCTTGCTTAAAAAAATGTTTTCT	3120
Db	3061	GTTGGGATAGTCGATCCAGAGGTTGTTCCAGACTCTTGCTTAAAAAAATGTTTTCT	3120
Qy	3121	AAATTAATTTGAAAGAAATGTTATATATGATGAAATTAAGAAACATATCAATTTAA	3180
Db	3121	AAATTAATTTGAAAGAAATGTTATATATGATGAAATTAAGAAACATATCAATTTAA	3180
Qy	3181	AAATTAATTAAGTATCAAGATTAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3240
Db	3181	AAATTAATTAAGTATCAAGATTAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3240
Qy	3241	TTTAGTGCTTTGTTTAACTAATTTGATTTATGATTTTCTTTAAATTTCCCTTCT	3300
Db	3241	TTTAGTGCTTTGTTTAACTAATTTGATTTATGATTTTCTTTAAATTTCCCTTCT	3300
Qy	3301	TATTTTGTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT	3360
Db	3301	TATTTTGTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT	3360
Qy	3361	CAGACTCAAAAGATAGAGGCTTTGATGTTGTTGATGTTGTTGATGTTGTTG	3420
Db	3361	CAGACTCAAAAGATAGAGGCTTTGATGTTGTTGATGTTGTTGATGTTGTTG	3420
Qy	3421	GAGGAGGAGAACTATCAATGCAATGCAAGATGATGTCAGGTTCTTGCAAAATTA	3480
Db	3421	GAGGAGGAGAACTATCAATGCAATGCAAGATGATGTCAGGTTCTTGCAAAATTA	3480
Db	3481	ATTAATCACTGTAATTTTAACTTGTATTAATTTTAACTGATGTTGTTGTTG	3540
Qy	3481	ATTAATCACTGTAATTTTAACTTGTATTAATTTTAACTGATGTTGTTGTTG	3540
Db	3541	TTTAACTTGTGTTAAAGATTAATTAATTTTAAAGAGGTTGTCAAATGATCACAAT	3600
Qy	3541	TTTAACTTGTGTTAAAGATTAATTAATTTTAAAGAGGTTGTCAAATGATCACAAT	3600
Db	3541	TTTAACTTGTGTTAAAGATTAATTAATTTTAAAGAGGTTGTCAAATGATCACAAT	3600
Qy	3601	TTAGAGATTCGCAACCAATATTAATTTTAACTGATGTTGTTGTTGTTGTTG	3660
Db	3601	TTAGAGATTCGCAACCAATATTAATTTTAACTGATGTTGTTGTTGTTGTTG	3660
Qy	3661	TACGATCATTTGTTACCTTTTCTTCTGTCAGGCAATGAGGATGCAACGCTTAC	3720
Db	3661	TACGATCATTTGTTACCTTTTCTTCTGTCAGGCAATGAGGATGCAACGCTTAC	3720
Qy	3721	GTTAATGCAATTTGATTTGATTAATAAAGCTTAAATTAATTTGAAATTTTAAATGA	3780
Db	3721	GTTAATGCAATTTGATTTGATTAATAAAGCTTAAATTAATTTGAAATTTTAAATGA	3780
Qy	3781	AAAGTTAATTAATTTCTTAATTTTGGGAGAGCTTATACCTTGTGCAATTTAATAGT	3840
Db	3781	AAAGTTAATTAATTTCTTAATTTTGGGAGAGCTTATACCTTGTGCAATTTAATAGT	3840
Qy	3841	GTAATTTAAAGATTAATAAGTTTGTAGTAAACAAATTTTGAATTTCAAAACTATT	3900
Db	3841	GTAATTTAAAGATTAATAAGTTTGTAGTAAACAAATTTTGAATTTTCAAAACTATT	3900
Qy	3901	TGAATTTTAACTAATAATTTGCAATTTTTCATATCAATATGATTTAAATTAATTTAGTTA	3960
Db	3901	TGAATTTTAACTAATAATTTGCAATTTTTCATATCAATATGATTTAAATTAATTTAGTTA	3960
Qy	3961	AAAGTTTAAATTTGATTTGATTTTAAATTAATAATTAATTAATTAATTTTAAATTTT	4020
Db	3961	AAAGTTTAAATTTGATTTGATTTTAAATTAATAATTAATTAATTTTAAATTTT	4020
Qy	4021	GTAATTAATAATTTCTTCAATGAGAAATGATTTGATGACACACCTCAAACTAGCTT	4080
Db	4021	GTAATTAATAATTTCTTCAATGAGAAATGATTTGATGACACACCTCAAACTAGCTT	4080
Qy	4081	TTCTGATTTAATTTTCTTATTTCTTTTAAATTAATTAATTAATTTTCTGCTCA	4140
Db	4081	TTCTGATTTAATTTTCTTATTTCTTTTAAATTAATTAATTTTCTGCTCA	4140
Qy	4141	AAATTAATTTGAAATTTGATTTTGAACGCTCGTCAATTTGATGTTGTTGTTG	4200
Db	4141	AAATTAATTTGAAATTTGATTTTGAACGCTCGTCAATTTGATGTTGTTGTTG	4200
Qy	4201	GATGAATGATTTAATTTTAACTTGTATTAATAATTTAAATTAATTTGTTTAAATTTT	4260
Db	4201	GATGAATGATTTAATTTTAACTTGTATTAATAATTTAAATTAATTTGTTTAAATTTT	4260
Qy	4261	CTTTAACTTCTGGAATTTGCAAAATTTGAAAGTAAATTAATTTAAAGTAAATTTT	4320
Db	4261	CTTTAACTTCTGGAATTTGCAAAATTTGAAAGTAAATTAATTTAAAGTAAATTTT	4320
Qy	4321	AAATTAATTTCAATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	4380
Db	4321	AAATTAATTTCAATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	4380
Qy	4381	ATGCTTCAAGAAAGGCAATTAATTAATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTG	4440
Db	4381	ATGCTTCAAGAAAGGCAATTAATTAATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTG	4440
Qy	4441	AAATTAATTTCAATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	4500
Db	4441	AAATTAATTTCAATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	4500
Qy	4501	ATTGAAAAAAGAGATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	4560
Db	4501	ATTGAAAAAAGAGATTTTAACTGATGCACTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	4560

Db 6721 AAAAAATCTTAACTCCATCTCCACATTAATTAACCTTT 6780
Qy 6781 GTTCCAGTTTTCAGCAGTTCAGGAAAAATGTGTGAAGAGATTCAGAGGCGACAAG 6840
Db 6781 GTTCCAGTTTTCAGCAGTTCAGGAAAAATGTGTGAAGAGATTCAGAGGCGACAAG 6840
Qy 6841 TGCACCAAGAGTGCCTAAATTTGATTCGACGACCAACTTTCATGTGAGAGATTAAT 6900
Db 6841 TGCACCAAGAGTGCCTAAATTTGATTCGACGACCAACTTTCATGTGAGAGATTAAT 6900
Qy 6901 AATGAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGGAAAACATCAGAGGCTTACGTGCAAAA 6960
Db 6901 AATGAGAAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGGAAAACATCAGAGGCTTACGTGCAAAA 6960
Qy 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACGACCTGCACTTCAATACAAAATTTGCA 7020
Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACGACCTGCACTTCAATACAAAATTTGCA 7020
Qy 7021 GGAATGAAGCTCTTTTGTATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Db 7021 GGAATGAAGCTCTTTTGTATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Qy 7081 ATGATATATCAACAATAAACAATCTATCTATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Db 7081 ATGATATATCAACAATAAACAATCTATCTATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Qy 7141 CGAATGAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7200
Db 7141 CGAATGAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7200
Qy 7201 TTGATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Db 7201 TTGATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Qy 7261 TGTATTTCTTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Db 7261 TGTATTTCTTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Qy 7321 TATTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Db 7321 TATTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Qy 7381 GTCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7440
Db 7381 GTCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7440
Qy 7441 AGTGAATTAATTAAGAG 7456
Db 7441 AGTGAATTAATTAAGAG 7456

RESULT 4
US-09-782-130-26
; Sequence 26, Application US/09782130
; Publication No. US20040055038A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: KNAUF, VIC C.
; APPLICANT: KIDUL, JEAN C.
; TITLE OF INVENTION: METHODS AND COMPOSITIONS FOR REGULATED TRANSCRIPTION
; TITLE OF INVENTION: AND EXPRESSION OF HETEROLOGOUS GENES
; FILE REFERENCE: 16518.052
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/782.130
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/232,861
; PRIOR FILING DATE: 1999-01-15
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/812,665
; PRIOR FILING DATE: 1997-03-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/484,941
; PRIOR FILING DATE: 1995-06-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/105,852
; PRIOR FILING DATE: 1993-08-10
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/526,123

; PRIOR FILING DATE: 1990-05-21
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/267,685
; PRIOR FILING DATE: 1988-11-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 06/692,605
; PRIOR FILING DATE: 1985-01-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/582,241
; PRIOR FILING DATE: 1990-09-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/188,361
; PRIOR FILING DATE: 1988-04-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/168,190
; PRIOR FILING DATE: 1988-03-15
; Remaining Prior Application data removed - See File Wrapper or PALM.
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 35
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 26
; LENGTH: 2207
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lycopersicon esculentum
US-09-782-130-26

Query Match 27.1%; Score 2024; DB 11; Length 2207;
Best Local Similarity 98.4%; Pred. No. 8.9e-277;
Matches 2150; Conservative 0; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

Qy 1 AACCTCTTAAAGCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 60
Db 1 AACCTCTTAAAGCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 60
Qy 61 TAAAGCACTTAAGAAACCAATGATTGAAGGTTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Db 61 TAAAGCACTTAAGAAACCAATGATTGAAGGTTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Qy 121 TGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Db 121 TGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Qy 181 ATGATCAAAATCAATCCGTCACCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 240
Db 181 ATGATCAAAATCAATCCGTCACCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 240
Qy 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 300
Db 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 300
Qy 301 AAAATCAATGCGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
Db 301 AAAATCAATGCGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
Qy 361 ACCAATCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 420
Db 361 ACCAATCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 420
Qy 421 AAACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 480
Db 421 AAACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 480
Qy 481 GGTGAGCGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 540
Db 481 GGTGAGCGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 540
Qy 541 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 600
Db 541 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 600
Qy 600 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
Db 601 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
Qy 660 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 718
Db 661 TAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 720
Qy 719 TAGTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 778

Db	466	AAAAATAAATATATTTAAATATAAAAAAATTAAATTTAAATATTTAAATATTTAAATAT	525
Oy	465	GCACCAATCTAATTTAGGTGAGCCGCAATTTTGGAGACACTTTCATAGTATTTT	524
Db	526	TATATATTAATTAATTAATTTTAT--ATAATATATTAATAAGTTTATTAATAATATTT	582
Oy	525	TCAAGCATGAATTTGAAATTTAAGATTAAAGTAAGAGATGACACCCGATTAATTC	584
Db	583	ATATTTAATTAATTAATTTAATAAAAAATATTAATTTAAATTTTAAAAATA	642
Oy	585	ATGCCCTTTTAAATATAATATAATAADATTAAGATTGTTTAAATATTTAAACCTG	644
Db	643	ATTTTAAATATTAATTTATTAATAAAAAAATAAATAATATATAAAAAATTTT	702
Oy	645	AATATATATTTTAAAAAAATATCTATTAAGTACCATCAATATGAGCAGCAAT	704
Db	703	TATATTTAAATTTAAATTTAAATAATTAATATTAATTAATTTTAAATTTTAAAT	762
Oy	705	AATTBAAGTGAACATAGTGTTAATTAGTAATGATGGGTGTAATTTATTAAT	764
Db	763	TTAATTTAAATTAATAAATATATTAATTAATTAATAATAATTTAAATAGATTA	822
Oy	765	ATATCAATACGTAAATATATAACAATAATTGAGGCCATGAT--TTAAAAATATA	822
Db	823	TTTAAAAATTTTATTAATAAAAAAATGTTTTTTATTTTTTTTAAATGATAAAAAT	882
Oy	823	AATAAGTTGAATTTAAACGGTATGATPAATGTCATTTTGAACCAAAAGTGATGA	882
Db	883	TGTATATTTTAAATTTATATTTTAATATTTTGTGTTTGTGTAATAATTTT	942
Oy	883	GAAGGATATTTAGACCAATAGGGGATGAGAGATATTTGAAAGCAATATGT---	938
Db	943	AAAAATTAATTTTATTTTATTTAATTAATGAATAAATATATATTAATTTT	1002
Oy	939	-GATGATNGAGATATTTTGTATCATTTCTTAATCTTAAAGATTTTAAAGCAT	997
Db	1003	ATAAATATTTTAAAAATTTTATTTTATTTTAAATTTTGAATTTAATATGTAATA	1062
Oy	998	TCCCTCTTGTAGTATAGACTAATAGTGTATGTCATCGAATATCATTAATTT	1057
Db	1063	AAAAAATTTGTTTAAATTTGTTTTTTTAAATGTTTAAATGTTAAATATTTG	1122
Oy	1058	CTTAATATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAAAAATAATATTTTCCATTTACT	1117
Db	1123	TTAATATTTTGTGATTTGAAATTTTAAAA-----TTAATATTTTGTAT	1172
Oy	1118	TGATTTATTTATTTTAAAAATTTCAACATATATAATAATTAATTTAACAAAGA	1177
Db	1172	TATATTAATTTATTTAAAAATTTAAATATTTAAATTTTAAATTTTAAATTAAT	1231
Oy	1178	ATTGPAACATATATTTTAAATATATCAAAATPAATTTTAAACATCAATAAAG	1237
Db	1232	AATTTTGTGAATAAAAAATGTTATGTAATTAATTAAT-----ATAAAAATG	1284
Oy	1238	AAATCGACAAAAAATTTGACGGGAGAGACAAGCAAAATATGTCAGAAATCT	1297
Db	1285	TAAATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAAT	1344
Oy	1298	CTTGCTGAATATCTCTCATCCAACTAATATAACCATTAACAATTAACATATG	1357
Db	1345	AATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTTGAT	1404
Oy	1358	ACCAATCAAAACCCCTTAAATCTATTAATAGCAAAACCTGCCATACCTTATCAT	1417
Db	1405	TTTTTTTATTTTATTTTATTTTAAAAAATAAATAATATTTTAAATA	1464
Oy	1418	AAA--AAATATAATCTTTTCAATAGACAAGTTTAAAAACATACATATACAATAT	1475
Db	1465	AAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATAATTAATAATTAAT	1522
Oy	1476	ATCATGTATTCAAAAGATATGATCTCTCTCATTTATTTTGTTCATCAAT	1535
Db	1525	GTTAAAAAATTTTAAATTAATAATATTTTAAATAAA--ATTAATTTTAAATTAAT	1583

[illegible]

```
QY 2616 AAAGTAATCAAGATAGATMAACATGATTTTCGACTAATTTAGCGGATAGAGG 2675
Db 2649 TTAATAATTTAAAAATTTAAAAATATATATTTTAAATTTTAAATTTAATTTATTTT 2708
QY 2676 AATTATCAAAATGTATAGTTAGCTATAGCAACTTACCTATGAAATAGAGTGAAGAG 2735
Db 2709 TTTTAAATTA-----AAATTAATTTGTAAATTAATTTAATTAATAA 2749
QY 2736 TTGATGCTAATTCATTTTATTTTGTAGAGTAAAGATTTTGAACAACATAT--A 2793
Db 2750 AATTAATAAAATATTTATTTATTTTAAATTTAAATTTAAATTTGTTATTA 2809
QY 2794 ATATTAATTAATGCTTAATTAATTAATGCTCAATGATTTCAAACTAAAGACTGTCAA 2853
Db 2810 ATTGTTATTAATTAATTAATGATATTTTATTAATAATTAATAAATTTGAAATTAATTTA 2869
QY 2854 AGAAATTAAGAAAGAAATATTTATTTTAAATTAATAAGAAATTAAGAAATA 2913
Db 2870 TGAATAAAATTTTGTGAATAAAATTAATAATTTGAAATTAATAATTTATTAAT 2929
QY 2914 AATTCAAGCGAGAGGATTTACATATCTATGCGGATAAAGATATTAATATGTAAG 2973
Db 2930 TTATGAATGCTAAATTTTAATGATTAATTAATTAATTAATAAATAAATAATTAATGA 2989
QY 2974 AAAACAGCACTACACATATCTAATAAGTCTAATAATGCAATATAAATAATGCTGA 3033
Db 2990 AAAATGATATATTTTAAATGATGATTTAAATTTAATAATTAATAATTAATAAATAA 3049
QY 3034 GCACAGCTATCCCTACAAAACTTTTGTGGGTAGATGATCGAGAGTGTTCGAGA 3093
Db 3050 ATAAATGTAT-----AATGTGAATGAATTTGAATTAATTTATTTATTTATTTATG 3099
QY 3094 CTCTGCTTAATAAAATGTTTTCTAAATAAGTTGAAGAATGTTATATGATGAA 3153
Db 3100 TAATTAATTAATAAATTAATTTTAAATGAATTAATGATGATGAAATAATGTTTT 3159
QY 3154 AATGAGAAAAACATATCAATATTAATAATTAATTAATGCAAAAGTAAAGCAATAAC 3213
Db 3160 AATATTAATTTAAATTAATAATTTAATTAATAAATTTGTTGAAATTTGTAATAA 3219
QY 3214 AATAGATTAATACATTAATGAATAATTTAGTGGCTTTGTTACATATCTTACTTT 3273
Db 3220 AATTTAATTTATTAATTTTATTTTAAATTTGAATTAATTAATTTAATTAATTTGATG 3279
QY 3274 ATTCATTTCTTAAATTTCCCTCTAATTTTGAATTTCTAATGCAATTTTG 3333
Db 3280 TAAAAAAATTTTGTATGTTGTTATTTTGAATAAATAAATAATTAATTTGTA 3339
QY 3334 GATCCTTAGAGCATCTATGTAATTTCAAGCTACAAAGATAGAGGCTTTGATGCT- 3392
Db 3340 TGTAAAAAATGAATTAATAATTTGAAATGATTAATAAATAAATAATGAATAAATAA 3399
QY 3393 -TTTGAATAGTGTCAAAATTTAGTTGTGGAGAGGAGCACTATCAATGCGCATGACA 3451
Db 3400 ATTGAATTTTAAATTTTAAATTTTGTAAATGTTGAATAATTAATTTGTTAATTT 3459
QY 3452 AGTATGTCGCCAAGTTCTGCAAAATTAATAATCACTGTATTTTAATCACTGCTT 3511
Db 3460 AATATTAATAAATAATTTTATTTTGTGTAATAAATAATGATTAATTTGATTTAT 3519
QY 3512 AATAAGTTTACGCTATGCTGCAATTTCT--TAACTGTTTAAAGATTAATATAT 3570
Db 3520 TGAATTAATATTTTATTTAATAAATAATTAATTTAAATAAATAATTTGTTAATAA 3579
QY 3571 TGAAGAGGTGTCAAAATGCAATTTTATGAGATTCGACCAATTAATTTAGTTTATG 3630
Db 3580 AAAATGAATAATTAATAAATGAATAATTAATTTAATAAATAATTTAATTAATGA 3639
QY 3631 TAATTAATTTTACGCAATTTGCTGTACTGATCATTTGTAACCTTTTCTTCA 3690
Db 3640 TAATTAATTTGTAATATGTTAATAATTTTGAATTTTATTAATAAATAATTTATTTT 3699
QY 3691 TGCAAGCATGCAAGGATGCAACGATGTAATTTGATTTGATTAATAAATAA 3750

Db 3700 AAAATGATTAATAATTTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 3759
QY 3751 AAGCTAAATAATTAATTTGAATTTTAATTTGA-----AAGTTAATAATTTCT--AACT 3802
Db 3760 AATTTTATTAATTTTGAATAATGATTAATAATTAATTAATTTAATAATTTGTTGAATTT 3819
QY 3803 TTGGCAGACCTATTAACCCCTGCACTATTTAATAGTATTTTAAAGTAAATAAAGT 3862
Db 3820 TTGTTTTTTGAATAATTTGAATAATGTAATAATTTGAATAATTTGTAATGATTAATAA 3879
QY 3863 TTATGTTGAACAAA-----ATTAGATTTCAAAAATAATTTGAATAATTTAATAATTT 3918
Db 3880 TTGAATTTGATTTTAATGTTTTTAATAAATAATTTGAATAAATAATTAATAATTT 3939
QY 3919 GCATTTTTTGTCAATATGATTAATAAATAATTAATTAAGTTAAGTTATGATTTGAT 3978
Db 3940 ATTAATAATTTAAATAATTAATAATTTATGTTATTTAATAAATAAATAAATAATTTTAA 3999
QY 3979 TCTAATAATTAATAATCAAGCAAAATAGTAGCGAGAAAGTATTAACAATACCTCT 4038
Db 4000 TGAATAATGATTAATGTAATAATTTGTTGTGAATAATTTTGTGTAATGATTAATTTAT 4059
QY 4039 TCAAGTAAATGCAATTTGTACACACACCTCAAAACCTAGCTTTCTGATTTAATTT 4098
Db 4060 TTGTGTTTAAATGTTTTTTTATTTTGTGAATTTGAATAATTTTAAATTTTAAATTTT 4119
QY 4099 CTAATTTCTTAATAGTAATCAAAAGCTAATAGTTCTGTCAA---ATCTAATCATGG 4154
Db 4120 TTAATTTGTTTTTATTTTATTTTAAATTAATTTTGTGTTAATTTTATTTAATTTT 4179
QY 4155 AAACCTATCTTTGACGCTGCTGATTCAGATGCTTGAACATGATGAATGATTT--- 4211
Db 4180 TTTTTTTTTTTTGTGATTAATAATGAATTTAATTTGAATTTTAAATTTTATTTTAT 4239
QY 4212 --ATTAACTTGTATTTTAAATTAATACTAATATTTGTTAATTTTCAAGCTTAACCT 4289
Db 4240 AATATTAATAAATAATTAATAATTAATTAATAAATAATTTTGTATTAATTAATGA 4299
QY 4270 TCTGGAATTCGAAAATTTGAAAGGATTAATCTAAGAATAAATGCAACAAATTC 4329
Db 4300 TATAATTAATGTTAAATAATTTGTATGATTAATTTTGTGAATAATTTTAAATAAATA 4359
QY 4330 AATACAAATTTGAGTACATGATGATGCTGATGCTCAATTTGATGATCAATGCTCAG 4389
Db 4360 TAATTAATTTAAATTTGTTAAATTTGTTTGTGTAATTTTGTGTAATTTGAAATG 4419
QY 4390 CAAAGAGCCAAATAGATGAGTCAATGATCAAAATCTCAATATATTAATATCTG 4449
Db 4420 AAAATATTTGAA-----AATGATTTGATTAATAAATAATTAATAATTAATAAATTTG 4473
QY 4450 ATACTATTAATGGAACGTTATTTATTTAATTTTATTTATTTATTTATTTAGAAAA 4509
Db 4474 TTTTAATTTTAAATTAATTAATTAATAAATAATTAATAAATAATTTTATTTTAAAT 4533
QY 4510 AAAAAAGATTTTAAATTTGATTAATTAATAATTTAATTTTATTTTATTTATAGGTG 4569
Db 4534 TTTTATTAATGTTAATTAATTAATTTATTTATTTTAAATAATTTAATTTTAAAT 4593
QY 4570 ATGATGATTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGTCAGGCGCAAAATTAATCTGTG 4629
Db 4594 ATTTTATTTTAAATAATTAATAATTAATTTTAAATAAATAATTAATAAATAATTTAA 4653
QY 4630 GTCCAGTCAATGATTAAGTACTTAATTTCAAAATATGATTTGTTCAATTTCTCTAT 4689
Db 4654 ATTTGTTGAAATAATTAATGAATAATGTTGTAATTTGTTTGTGATTTAATAAAT 4713
QY 4690 TTCAATAAAGTATGATTAATTAATTTACTTAATTTTAAATTTAATTTATTTGCA 4749
Db 4714 ATGATTAATTTGA--ATTAAATTAATTTTGAATAATGAATAAATAATTAATTAATGA 4771
QY 4750 AATTTTCTCTGCTTAAATTTGTTAATGATTAATTTGAGCAATAATTTGAGCGCTTTGATG 4809
```

Db 4772 ATGATTAATTATATTAATGATATATGATTTTTTTTTTAAATAATTTAAATATATATAAA 4831
Qy 4810 GCGAATTAAGACAGCTTTAAATAAGTACTTTAAAGTGAAGCTAATTTTTAAATA 4869
Db 4832 ATTTTATTTATTTATGTAATAATTTTTTTTAAATTTAAATAATTTATTAATATA 4891
Qy 4870 AGCAGTTATCGGTTTGATTAAGTGTGCTGAAGTTGTAATGCAACGTGAAGAGGAAA 4929
Db 4892 ATAAATATAAATAATTTGATTTGATGAATAATGTAGTAATATTTATATATAATAAT 4951
Qy 4930 ATGAGAAGAAATGTTAGGCTTATATGGTTATTTGTAATTAATAATTTAAGACA--- 4986
Db 4952 TTGTAAAAAATTAATGTAATAATTAATTTGTTTTTTTTTATTTTTTTTTTTT 5011
Qy 4987 -AAAGAATAAATGTGCTCAACTTAAACAATTAATAGCTACCTACCTACCCAGC 5045
Db 5012 TAAATAATTTATTTATTTGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTGAAAAATATA 5071
Qy 5046 TTTTAACTTTTGCTTAAATTAATAGTTTTTTTTTAAACTTAAATTAATTAAGTTTGAG 5105
Db 5072 ATATATGTAATTAATAAAAAAATTTTATTTAATTTGATTTATTTAATAATTA 5131
Qy 5106 TATTCGCAAGAGCTAAATTAATGCAAAACCAAGCTTTAAGTCAGTTGACCACTTTA 5165
Db 5132 ATTAATTAATAATAATTAATAATAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTATTT 5191
Qy 5166 AGCTAGCAACAAACAGGCTTAATAATGTCGTGATGATGCTATATATATTTAGCTT 5225
Db 5192 TTTGAAAAAATTTAATTTATTTAATTTAATTTAATAAAAAATTTTAAATAATGATTT 5251
Qy 5226 TTTTGAAGTATATATATTCCTTAAGTCAACATTAAT-----ACATGC 5270
Db 5252 AATAATGATGAATAATAATTTTAAATTAATAATAATTTTGTGTTGAAAAAATG 5311
Qy 5271 TTTTAACATAGACATATATGTTAATCAAAAGCAAGATGAGTAATTTGCGAATTTGA 5330
Db 5312 TGTATTAAATGAAATATATTAATTTAATTAATAATTTGTTGTTATATTAATAA 5371
Qy 5331 TTATATCAAGAAAAAGGATAGTCAAGTGTACATTT-----TCATGATGAGATA 5384
Db 5372 ATTTGTAATATATATATAATAATTAATGATGTAATTTAATAATAATTAAGAAAAATTA 5431
Qy 5385 TCATTAAGACTAAATTAAGAAATCAATTAATGAGGATCAAAAATGTTAATCTTAT 5444
Db 5432 TTAATAATGAATTTTATTTATTTGTTGAATTTTTTTTTTAAATGTTGTAATGTAAT 5491
Qy 5445 TAAATACTATTCATTTTCATTAATTAATTAATTAAGAGTGTTTATATCTATA 5504
Db 5492 TTTATTTGTTGATTTTTTTTAAATGATTTGTTGTTTGTTTTTTTTATTTTATTT 5551
Qy 5505 AAAACATGCAATTAATTTGACGAATGTGCT---TTGTAACCTATTAATCTTGTGAAT 5560
Db 5552 AAAATTTATTAATGAATTAATAATAATTTGAAAAATGATTTTATTAATTAAGTGAAT 5611
Qy 5561 ATTTGCTATTTTTTCTTTTATTTTCCATGATTAATCTATGAGCTTGAAGCTT 5620
Db 5612 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTAAATTTTAAATAATTTATTTTTTTTGAATAAAA 5671
Qy 5621 GGAATTCAGAGC-----TATGTGCTAATGTTAATCTGAATAAGAGCAAAAT 5670
Db 5672 AAAAATTAATAAATGAATTAATTTGATTAATGATTTGTGAATAATAATTAATTTGAAT 5731
Qy 5671 TATGCTGCGGAATAATGAGTTAGATCAAGACTGTGAG--GTACCCTCCCCCCCCC 5728
Db 5732 TTTTAAATTTGTTAAATTTTGTATTAATAATAATGTAATAATTAATGAATAAAA 5791
Qy 5729 CCCCCCAGAGCCATTTTTTAAATTTTTTAAATTTTTTATCGAATATCAATATA 5788
Db 5792 ATTTTTTTTTTTTTTTTATGTTTTTTTATTTTAAATAATTTGAAAAAATGTTATATA 5851
Qy 5789 AAGATTAAATTTGATTCATGTTGAATTAATTTGAGATAAGATATATTTACTAGC 5848
Db 5852 AAAATTAATAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5911

Qy 5849 TTTCTATGTTATATAGAAAAAATATGTCAGACTTCAGATTAATTTACTGTAATAG 5908
Db 5912 TTTTAAATATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5971
Qy 5909 TGTAAATGTGCTGTTGTTTGAAGTTGGTTATTCAGTTTGGCTCATGATTAACC 5968
Db 5972 TTTTATTTTTTTTTTAAATTTTTTTTTTTTTTTTATTTTATTTTGTATATAATTTATTTA 6031
Qy 5969 AAACCTATATGAAGAGGCTGCAAGCCGCCCACTAGTGTATCAATAG---- 6024
Db 6032 ATAAATGTAATTTTATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6091
Qy 6025 ---GAGATCTCAGCTGTTTATTTTCAATGACGTTCTTGTTGATGATTAATTAAT 6081
Db 6092 ATGGAATATGTTATATGTTTATTTATGTTATGTTATGTTATTAATTAATAATGTTT 6151
Qy 6082 AAATTAATTAACATGTAATTAAGCATTAATTAATAATTAATGTGTTTAAATGTAGGGA 6141
Db 6152 TGTAAATTAATAAAAAAATGTGTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6211
Qy 6142 GGAATCGACAGCTAGCAATCAATTTCTGAATGTGAAATGCAAGACGTTAAT 6201
Db 6212 AAAAATTAATTAATAATGTGTTTAAATGTAAATTAATTAATAATAATAATAATAATA 6271
Qy 6202 CCCATATTAATAGCCAAAATCTAT-TGTGATCGAGTTGAACGATGTAACAGCTAAT 6260
Db 6272 TAAATAATTAATAAAAAAATGATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6331
Qy 6261 TTTTATTAACGAACAAATTTATTAATTTTATTAATCTTAAATCACTTACATCAATTA 6320
Db 6332 TATGATATTTTAAATAAATGTATTAATAATAATTTTATTAATTAAT---TATTAATAA 6387
Qy 6321 AACTTGAAGTCTTTTCACTAGTATTAATTTTGAATAGATTTTATGAATGATAT 6380
Db 6388 ATTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6447
Qy 6381 TCAATTTCTTTTATTTTCTTCTAATTAATGATCTTTTGACATAGTCTA----- 6434
Db 6448 AAATTTTATTTATTTATTTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6507
Qy 6435 -----AAATCTGTTAAAGTAACCTGAATATCATTAAGAAAAATGTTAGATTATAT 6487
Db 6508 TTTTGTGAATAATTTGTAAGAAAAATGTTATTTAATTTAATAATAATAATAATAATA 6567
Qy 6488 CTAAATTTTATTAATTAATTAAGCTTAATCTAATATTTTGTATGTAAGTGAACA 6547
Db 6568 AAAATTAATTAATAAAGAAAAAATAATTAATTTTATTTATTAATTAATTAATTTAT 6627
Qy 6548 TATACATTAACAATTAAGATCAATTTAATTAATCTAATAATTAATTAATTAATTAAT 6607
Db 6628 TTTATTTTATGTTTATTAATGAATAATTTTATTAATTTTATTAATAATTTTAAATAATA 6667
Qy 6608 TGACTACAAAGAAATACATGACAGATTCCTCAACATATAGATGAGCTTCAAAACG 6667
Db 6688 ATTTTTTTTATGTTTATTAATATGTTATTAATAATAATTTGAATATATGATTTAATAA 6747
Qy 6668 AATCAATATATAGTATATATCTTAAAGAGAGCTTTGGGTAATAAGTAATAATCA 6727
Db 6748 AATTAATAAATTAATAAGAAAAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6807
Qy 6728 TTAAGTTAATAAATAATCTAATCTGATCTCAGATTAATTAATCACTTTGTTCCAG 6787
Db 6808 GAATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6867
Qy 6788 TTTTCAAGCTTCAAGTGAATAAATGTGCTATAGAGATTAACAAGGCACAAAGTCAACA 6847
Db 6868 TTTTATTAATAAATAATGTTAATTTTATTTTGAAT-----AATGAATGTTT 6919
Qy 6848 AAGGTGCCATAAATTTGATTCAGACAACTTTCAATGTAAGAAATTAATTAATGAG 6907
Db 6920 AATTTTTTTTTTAAATTTTTTTTTT-----TTTTTATTTATTAATAATAATAATAATA 6970

QY	3452	AGTAGGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTAATATACACGTAAATTTTAATACCTTGCT	3511
Db	4359	TTATTTTAAATAAAATAATTTCAAAAAAATATCATTAACAATTTTTTAACATATATATA	43000
QY	3512	ATAAGTTTACGCTATGTTGCTCGAATTCCTTAAACTTGTTCTTAAGATATATATATTT	3571
Db	4299	TTTTCAATATTAATACAAAAAAATATTTTATATATATATTAATATTTTTTTTTATATTT	4240
QY	3572	GAAAGAGGTGCACAAATGCATCAATTTTGAAGATTCGACCAATATATAGTTTATAGT	3631
Db	4239	ATTAATAAAATATTAATAATTCACAAATTAAATCATTTATTTAATCACAAAAAAABAAAA	4180
QY	3632	AATCTAATTTTGACAGACATCTTGCC---TGTACTGATCATTTGTCCTTTTTTCT	3687
Db	4179	AAATTAATAATAAAAAATATTTAAACAAAAATATATTTAAAAATATAAAACAAAACAATAA	4120
QY	3688	TCATGCAGCCATGCAGGATGCACAAACGGTACGTAAATGCAATTTGATTTGATTAATAA	3747
Db	4119	AAAAAATAATTAATAAAAAATTTKCAATATCAACAAAAATTAATAAAAAACATTTAAACCA	4060
QY	3748	AAAAAGCCTAATAATATTTTGAATTTTAATGAAGTTATPATPATTCCTTAACCTTGG	3807
Db	4059	ATTAATAATATATCAATAACAAAAATTTCAACAACAAACAAATTTACATATCATTTTCA	4000
QY	3808	CAGACCTATTAACCCCTTGCACTATTTAATATAGTATTTTAAGATATAAAGCTTAA	3867
Db	3999	TTTAAACATTTTTCATTTTTTTTTTTTAATACAT-----AAATTTTATATTTTAAT	3946
QY	3868	TTGAAACAAAAATTTAGATTTTCAAAAATTTGAAATATCTATAATTTGCATTTTTT	3927
Db	3945	TTTTAATAATTAATTTTTTTTATCATTTATTTTCCAAATTTTTTAAACATTTAAATCA	3886
QY	3928	TTGCATATCAATATGATTAATAAAATATATAGTTAAAGTTCTTACATTTGATCTTAATAAT	3987
Db	3885	TTTCAATTTTTTTATCATTTACAAATTCATTTTCAAAATTTTCAATTTTCAAAATTTTCAAA	3826
QY	3988	AAAAATCATGACAAACAATATATAGACGAGAGAAATATATAACAATCTCTTCAAGTAA	4047
Db	3825	AAACAAAAATTCACAAATATTTAAACCATTAATTTAATAA---CATTTCAAAAATA	3770
QY	4048	ATCGATTTGTCACACACCTCAAAAACCTACGTTTCTTCGATTTATTTCTCTATTTCTT	4107
Db	3769	ATTAATAATTTATTTAAATAAAATATAAAATATTTTTTTTATTTTTTAAATAATAT	3710
QY	4108	TTAATATGTAATCAAAAGCTATATGTTCTGTCAAATCTATACATTTGGAACCTATCTTT	4167
Db	3709	TATATCATTTTAAAAAATAATTTTATAAAAAAATAATTTCAAAATTTATACATATTAACA	3650
QY	4168	GACGCTCTGATCATTCGAGATCTGTGAACAATGATGATATTTTAACTTTGATTT	4227
Db	3649	CATTAATTAATTTTCAATTTAAATTTTTTTTAAATTTTAAATTTTTCATTTTAATAT	3590
QY	4228	AAATATTTAAACATAATATGTTTAAATTTTTCAGGCTTAACCTCTGGAATTCGAAAAAT	4287
Db	3589	ATTTCAATTTTAATATTTTTCACACAAATATTTTTAACATTAATTTTATATATAAAT	3530
QY	4288	TGAAGGATTAATCTTAAAGAT-----AAATGCACAAACAAATTCAT	4331
Db	3529	TATAATTTCAATTAACAATTCAAATATATATCATTTTTTATTAACAACAAAAAATTTTT	3470
QY	4332	ATCAAAATTTAGTCATGCACTAATNGTTTATGCTTCAAAATTTGATGATCAATGCTCAGCA	4391
Db	3469	TATTAATAATAATAATAAAACAATTTATATTTTTCACACATTTTAACAAAAATTTTAA	3410
QY	4392	AAGAGCCCAATACTGATGAGTCATGATCAAAATATCTCAATATATATCTGAT	4451
Db	3409	AAATTCAAATTAATTAATTTATTTATTTATTTTAAATCAATTTTCAAAATTTATATCA	3350
QY	4452	ACATTAATTTGGAACAGTTTATTTATTTTAATTTTATTTATTCAAATTTATAGAAAAA	4511
Db	3349	TTTTTTTACATTAACAATTAATTTTTTTTTTTTTTTCAAAAAATAATACACACATATAACAA	3290

QY	4512	AAAGAGATATTTTATTTGATACTAATTAATTTAAATTTTTTTTTTATAGTGAT	4571
Db	3289	AAATTTTTTACAAATCAATTAATTTAAAAATTAATCAATTAATTTAAAAAATTAATA	3230
QY	4572	GATGTATTTCAATGTTCTGGATCTCAAAATGTGACGGCCAAATTAATTACTTGCT	4631
Db	3229	AAATTAATTTTATTTTACAAATTCAAACAAATTTTTTATTTAAAAATTAATTAATTA	3170
QY	4632	CCAGGTCATGATTAAGTACTCTATTTTACAAATATACCTGGTTCCATTTCTCATTT	4691
Db	3169	AAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATCAATTAATTAATTAATTAATTTT	3110
QY	4692	CATTAAGGATGATGATTAATTAATTAATTTCTTAATTCCTTAATTAATTAATTTGCAAT	4751
Db	3109	TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3050
QY	4752	TTTTCTGTGCTTATGTTATGATTAAGCTTAAGCAAT-----AATTAAGGCGGTTTG	4804
Db	3049	TTTATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT	2990
QY	4805	GATGGCGAATTAAGAGCTTTAAAAAGTACTTTTAAAAGTGTGAACCTAATTTTAA	4864
Db	2989	TCATATATTTTTTTTTTATTTTTTTTAAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2930
QY	4865	AAATTAAGATTAATGCTTGAATTAAGCTGAAGTGTATGTCAAACGTGAAGG	4924
Db	2929	AAATTTAATTTTTTTTTTCAATTTTCAATTTTTTATTTTTTCAACAAATTTTTTTCA	2870
QY	4925	GAAAAATGAGAAAGAAATGTAGGGTAAATGCGTTATTTGTATAAAAATTAAGCA	4984
Db	2869	TAAATTAATTTCAAAATTTTTTATATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2810
QY	4985	CAAAAAGATTAATTAATGCTCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	5044
Db	2809	TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2750
QY	5045	CTTTTAACTTTGGCTTAAATTAATTTTTTTTTTAAAACTTAATTAATTAATTTTGA	5104
Db	2749	TTTATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2690
QY	5105	GTAATGCCAAAGAGCTAAATTAATGCAAAAACGCTTTTAATGACGTTGACACGCTTT	5164
Db	2689	AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2630
QY	5165	AACTGACCAACAGGCTTAATTAATGCTGCTGATGCTGCTATTAATTAATTTGAGCT	5224
Db	2629	TTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2570
QY	5225	TTTTTGAAGTGT--ATATTAATCCTTAAGTCAACATAAATTAATGCTTAACATGAC	5281
Db	2569	TTATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA	2510
QY	5282	ACATATAGTTATCAAAAGACGAATGATGAATTTTGGCAATTTGATTTATTCACAG	5341
Db	2509	TCATTAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2451
QY	5342	AAAAAGCATGCTCAAGTGTCAATTTCAATGATTAAGGATTAATTAATTAATTAATTA	5401
Db	2450	AAAAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTCAAAATTAATTA	2391
QY	5402	AGAAATCAATTAATTAAGGATCAAAAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5461
Db	2390	AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2331
QY	5462	TTCAATTAATTAATTAATTAATTAAGTGTTTATATCAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5521
Db	2330	TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2271
QY	5522	TGACGAATGCTGTTTGGTACTTAATTAATTTTGAAT-----ATTTGCTTAATTTTT	5576
Db	2270	TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT	2211
QY	5577	CTCTTTTATTTTCCATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	5636


```

Db      2210 ATTGTTTTCATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTTTATTTTATTTT 2151
Qy      5637 ATGTCCTAATGTACTGTAATGAAGCA-----AAATTAATGCGGCCGAAA 5684
Db      2150 TTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 2091
Qy      5685 ATGAGTAAAGATCAAGACTGACAGTACCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCAGAGCCC 5744
Db      2090 ATTAATATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 2031
Qy      5745 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5804
Db      2030 TTATTTTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1971
Qy      5805 CATGTTGAATTAATTTTGAATGAATGAATGAATTTTACTAGCTTCTATGTATATAG 5864
Db      1970 TATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 1911
Qy      5865 AAAAAAATGTCAGAACTCAGATTATGTACTGCTAGTAAAGTAAATGTGCTT 5924
Db      1910 AATTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTT 1851
Qy      5925 TGTTTAGAGTTGGTTATTCAGATTTTGGTCAATGAATTAACCAACT-TATATGAAA 5983
Db      1850 TTTTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTA 1791
Qy      5984 AGGGGCTGCAACGCCGCCGCTAGTGTATGATCAATAGAAAGATCTCAGCTGCTT 6043
Db      1790 ATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1731
Qy      6044 ATTCAGATGAGCTTCTGTTGTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6103
Db      1730 ATTATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1671
Qy      6104 AGCATTAATTAATTAATTTGCTGTTAAATGAAGGA--GGATCTGCAACAGCTAGCA 6161
Db      1670 TATCATATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1611
Qy      6162 CATCAAAATTTCTGAATGTGGAATGCAAGAGCTTAAGTCCCATTAATTAAGCCAAA 6221
Db      1610 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAA 1551
Qy      6222 CTATTTGATGAGTGTGACATGATTAACAGAGTAATTTTAAATTAACGAAATTTA 6281
Db      1550 TAAATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1494
Qy      6282 TTATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 6341
Db      1493 TTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1434
Qy      6342 AGTTAGTAACTTTTGA-----TAGATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAA 6386
Db      1433 AAAAAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1374
Qy      6387 TTCCTTTATTTTCTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 6446
Db      1373 ATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 1314
Qy      6447 AAGTAACTGAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 6506
Db      1313 TATAATTTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAACA 1254
Qy      6507 TTAGAGCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 6566
Db      1253 TTTTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1194
Qy      6567 TCAATTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 6626
Db      1193 ATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTCA 1134
Qy      6627 ATGCAATTTCTCAAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 6686

```

```

Db      1133 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 1074
Qy      6687 TATCTTAAAGAGACTTTGGTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 6746
Db      1073 CAAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 1014
Qy      6747 CTAACTGATCTCTCAGATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 6806
Db      1013 AATATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 954
Qy      6807 AAAAAATGCTATGAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 6866
Db      953 AATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 894
Qy      6867 ATGCAACAACTTTCAGATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 6926
Db      893 AATTAATTTCAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 834
Qy      6927 AAGTGAACAACTGACAGCTACGTCAAAATGTCATTTTAAATGCTGAACATG 6986
Db      833 AATTTTAAATTAATCAT-----TTATTAATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTA 782
Qy      6987 TTACACCACTGCACTCTCTAGAAATTTCAAGAGATGAAGCTTTTGTATTAATTT 7046
Db      781 ATTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 722
Qy      7047 AATTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 7106
Db      721 AATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 662
Qy      7107 TATCATATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 7166
Db      661 TAAATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 606
Qy      7167 ATGATTTCTAATTTTCTAGTCAAAAGTTTGACATTTTAAATTTTAAATTTTAA 7226
Db      605 TTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 550
Qy      7227 TAAATGTTATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 7286
Db      549 ATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 490
Qy      7287 CATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 7346
Db      489 TTTTATTTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 430
Qy      7347 TTCAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 7406
Db      429 TAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 370
Qy      7407 GATTTAGTTTGTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 7434
Db      369 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 342

```

RESULT 7
US-09-924-197-1

Sequence 1, Application US/09924197
Publication No. US20030018993A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Guttererson, Neal
TITLE OR INVENTION: Improved Methods of Gene Silencing Using Inverted
FILE REFERENCE: 01216-010810US
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/924,197
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/225,508
PRIOR FILING DATE: 2000-08-15
NUMBER OF SEQ ID NOS: 3
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 1
LENGTH: 5822

TYPE: DNA
ORGANISM: Agrobacterium tumefaciens
US-09-924-197-1

Query Match
Best Local Similarity 3.6%; Score 265.4; DB 10; Length 5822;
Matches 266; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTAAATGCTGTATGGAATATCAAGGCAACAGTCA 6844
DB 2164 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTAAATGCTGTATGGAATATCAAGGCAACAGTCA 2223
QY 6845 ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTGACGACAACTTCCATGTGAAGAAATTAAATG 6904
DB 2224 ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTGACGACAACTTCCATGTGAAGAAATTAAATG 2283
QY 6905 GAGAAATATAATTTGTTGGGGAAGTGAATCCATCAAGGCTTACGTCAAAATGTC 6964
DB 2284 GAGAAATATAATTTGTTGGGGAAGTGAATCCATCAAGGCTTACGTCAAAATGTC 2343
QY 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTCAAGGAT 7024
DB 2344 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAATTTCAAGGAT 2403
QY 7025 GAAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTT 7051
DB 2404 GAAAGCTCTTTGTATTAATTTAATTT 2430

RESULT 8 US-10-691-374-1/c

Sequence 1, Application US/10691374
Publication No. US20040250322A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: McCallum, Claire
APPLICANT: Slade, Ann J.
APPLICANT: Colbert, Trent
APPLICANT: Knaut, Vic
APPLICANT: Anawah Inc.
TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-
FILE REFERENCE: MHB 02-276
CURRENT FILING DATE: US/10/691,374
NUMBER OF SEQ. ID NOS: 50
SOFTWARE: Patent version 3.1
SEQ ID NO 1
LENGTH: 7456
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1479)..(1757)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (2416)..(2547)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3327)..(3491)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3696)..(3716)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (4260)..(4467)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (4567)..(4648)

OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (5602)..(5710)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (6139)..(6255)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (6788)..(7045)
OTHER INFORMATION:
US-10-691-374-1

Query Match
Best Local Similarity 3.1%; Score 228.4; DB 18; Length 7456;
Matches 486; Conservative 0; Mismatches 336; Indels 16; Gaps 4;

QY 143 ATTCGAAAAGGCTTAAATATTTCTCAAGTATTGAAATGG--TACAAAACATGCATC 199
DB 972 ATTAAGAAATGATACAAATTAATTCCTCCATCATCATATTTGGCTTCAAAATATCTTCT 913
QY 200 CGTCACTATTGACTCCAAAATTAATTAATTAATTCACCTTGAAGTTAAATTAATTAATC 259
DB 912 CATCCCTATTTGGCTTAAATATCCCTTCTCATCATCTTTGGGTTCAAAATTAATTAATC 853
QY 260 TTTATTAACAAATTTCTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 319
DB 852 TTAATTAACAAATTTCTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 793
QY 320 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 379
DB 792 TATTTGTTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 733
QY 380 ATCAATTAATTCACCAATTTCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 439
DB 732 CTAAATTA-----ACACTATGTTCAATTTAATTAATTTCTCGTCAATTAATTAATTA 678
QY 440 CGAAATTTGTTGAGTCCGAAATTCGAAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 499
DB 677 CTAAATTAATTTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 618
QY 500 GAGGACACTTCAATTAATTAATTTTCAAGCATGAATTTGAATTTAATTAATTAATTAAT 559
DB 617 AAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 558
QY 560 AGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 619
DB 557 ACCATTAATTTAATTAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAAT 498
QY 620 GATTTGTTTAAATTAATTAATTTTGAATTAATTTTGAATTAATTTTGAATTAATTTTGA 679
DB 497 AAATATGCGGCTCAACCTAATTAATTTGATTTGCTTCAATTTGCGGCTCAACCAATTTG 438
QY 680 CCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 734
DB 437 TTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 378
QY 735 ATGAATGAGTAAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 794
DB 377 ATGAATGAGTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 318
QY 795 TGAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 854
DB 317 TGAAGCAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 258
QY 855 GGTCAATTTTGAACCAAAAGTGAATGAAGGATTTTGAAGCAATTAATTAATTAATTAAT 914
DB 257 AGTCAATTTTGAACCAAAAGTGAATGAATTAATTTTGAAGTCAATTAATTAATTAATTA 198
QY 915 AAGGATTTTGAAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGAATTAATTTTGAATTTCT 972

Db 197 TGGTAGTTTGTGTA---CCATTTCGAATACCTTGGAGAAATATTTTAGGCCCTTTTCGAAT 143

RESULT 9

US-10-691-374-47/c

Sequence 47, Application US/10691374

Publication No. US20040250322A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: McCallum, Claire

APPLICANT: Slade, Ann J.

APPLICANT: Colbert, Trent

APPLICANT: Knauf, Vic

APPLICANT: Anawah Inc.

TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-TITLE OF INVENTION: Transgenic Mutations in the Polygalacturonase Gene

FILE REFERENCE: MHB 02-276

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374

NUMBER OF SEQ ID NOS: 50

SOFTWARE: PatentIn version 3.1

SEQ ID NO 47

LENGTH: 7456

TYPE: DNA

ORGANISM: Lycopersicon esculentum

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (1479)..(1757)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (2416)..(2547)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (3327)..(3491)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (3686)..(3716)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (4260)..(4467)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (4567)..(4648)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (5602)..(5710)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (6139)..(6255)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (6788)..(7045)

OTHER INFORMATION:

US-10-691-374-47

Query Match 3.14; Score 228.4; DB 18; Length 7456;

Best Local Similarity 58.0%; Pred. No. 1.6e-22;

Matches 486; Conservative 0; Mismatches 336; Indels 16; Gaps 4;

Qy 143 ATTCGAAAAGGCGCTAAATATCTCAAGATTCGAATG---TACMAAACTACCATC 199

Db 972 ATTGAATATGATACAAATTTCTCTCATCATCATCATATTTGGCTTCAAAATATCTTCT 913

Qy 200 CGTCACCTATTTGATCCCAAAATTAATTAATTCACCTTTGAGTTTAAATTTGACTAC 259

Db 912 CATCCCTTAATTTGGCTCAAAATACCTTCTCATCCACTTTTGGGTTCAAAATTTGACCAT 853

Qy 260 TTATATACAAATCTAAATTTAAACATATTTAACTATTTAAATATATCATGGGTTCAAA 319

Db 852 TTATCTACCGGTTTAAATTTCAAACTATTTAAATTTTAAATATCATGGGCTCAAA 793

Qy 320 TATTTAATATATTTAAATTTAATGATATGCAATTTAAACCAACCACTACCACTCATTA 379

Db 792 TATTTGTTATATATTTAACTATTTGATATTAATTTAAATATTTAACTACCACTCATTA 733

Qy 380 ATCATTAATCCCAACCAATTTCTACTATGCAAAATTTCTCTAAACACTACTTAAACAAGA 439

Db 732 CTAAATTA-----ACATTAATGTCATCTTAATTTCTGTCATTAATTTGATGATGTA 678

Qy 440 CGAATTTGTCAGATCCGAATTCGAAGCAACCAATCTAATTTAGTTGAGCGCATTTTAG 499

Db 677 CTATATGATATATTTTAAATTAATATATATTTCAAGTTTAAATTTAAACCAATCAT 618

Qy 500 GAGGACACTTCAATATATTTTTCACACATGATTTGAAATTTAAGATTAATGATTA 559

Db 617 AAATATTTATATATTTATTTTAAATTAATTAATTAATTTGCGGTGCTACTCTTCT 558

Qy 560 AGAATGATGACCCCAATTAATTCATGCTTTTAAATATATTTATATTAATTTAT 619

Db 557 ACCATTAATCTTAATTTCAAAATTCATGCTGAAAAAAATCTAATTAAGATGTCCT 498

Qy 620 GATTGTTTAAATATTAATTAATTTGAATATATTTTAAATTAATTTATCTATTAAGTA 679

Db 497 AAATATGCGGCTCAACCTTAATTTGATTTGCTGCTTCGATTCGACCTGAAACATTTGCTC 438

Qy 680 CCAATCATATATGAGACGAGAAATTAATTAAGATGAACATATG- - -TTAATTAAGTA 734

Db 437 TTGTTTAGTAGTGTATTAAGCAATTTTGAATGAATTTGGGTGGATTTAATGATTA 378

Qy 735 ATGATGCGTAGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 794

Db 377 ATGATGCGTAGTATTTGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 318

Qy 795 TGAGCGCATGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 854

Db 317 TGAGCGCATGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 258

Qy 855 GGTCAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATTTTGAAGCCAAATGAGGATGAG 914

Db 257 AGTCAATTTTAACTCAAAAGTGATTAATTTTATTTTGAAGTCAATGATGAGCGGA 198

Qy 915 AAGATTTTTGAAGCCAAATATGATGATGAGATTAATTTTGTATCATTTTGAAT 972

Db 197 TGGTAGTTTGTGTA---CCATTTCGAATACCTTGGAGAAATATTTTAGGCCCTTTTCGAAT 143

RESULT 10

US-10-691-374-49/c

Sequence 49, Application US/10691374

Publication No. US20040250322A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: McCallum, Claire

APPLICANT: Slade, Ann J.

APPLICANT: Colbert, Trent

APPLICANT: Knauf, Vic

APPLICANT: Anawah Inc.

TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-TITLE OF INVENTION: Transgenic Mutations in the Polygalacturonase Gene

FILE REFERENCE: MHB 02-276

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374

NUMBER OF SEQ ID NOS: 50

SOFTWARE: PatentIn version 3.1

SEQ ID NO 49

LENGTH: 7456

TYPE: DNA

ORGANISM: Lycopersicon esculentum

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

```
/ LOCATION: (1479)..(1757)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (12416)..(12547)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (3327)..(3491)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (3696)..(3716)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (4260)..(4467)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (4567)..(4648)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (5602)..(5710)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (6139)..(6255)
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: CDS
/ LOCATION: (6788)..(7045)
/ OTHER INFORMATION:
US-10-691-374-49
```

Query Match 3.1%; Score 228.4; DB 18; Length 7456;
Best Local Similarity 58.0%; Pred. No. 1.6e-22;

Matches 486; Conservative 0; Mismatches 336; Indels 16; Gaps 4;

```
QY 143 ATTCGAAAGGCGCTAAATATCTCAAGATTCGAAATG--TACAAACCTACCATC 199
DB 972 ATTAGAATGATACAAATATATCTCATCATCATCATATGCGTTCAAAATATCTTCT 913
QY 200 CGTCCACTTGTGCTCCAAATATATATTCATCCACTTTGAGTTAAATTTGACTAC 259
DB 912 CATCCCCCTATGCTCTAAATACCTCTCATCCACTTTGGGTTCAAAATTTGACCAT 853
QY 260 TTATATACATCTTAATTTAACTATTTAACTTTAAATTAATTAATGCGGCTCAAA 319
DB 852 TTATCTAAGGTTTAAATCTTAATTTAAATTTAAATTAATTAATGCGGCTCAAA 793
QY 320 TATTTAATATTTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 379
DB 792 TATTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 733
QY 380 ATCATTAATCCACCAATTTCTACTATCAAAATTTGCTTAACCTACTTAACAAQA 439
DB 732 CTATATTA-----ACACTATGTCATCTTAATTAATTCGCTCAATTAATGATGTA 678
QY 440 CGAAATTTGTCAGTCCGATCGAAGCAGCAATCTAATTTAGTTAGCGCATTTTAG 499
DB 677 CTATATAGATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 618
QY 500 GAGGACACTTTCATATGATTTTTCAGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 559
DB 617 AAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 558
QY 560 AGAAGTAGTACACCCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 619
DB 557 ACATTTAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 498
QY 620 GATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 679
```

```
DB 497 AAATATGCGGCTCAACCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 438
QY 680 CCATCATATTAATTAAGACGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 734
DB 437 TTGTTTATAGTATTTTGAACAATTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 378
QY 735 ATGATGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 794
DB 377 ATGAGTGTAGTATTTGTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 318
QY 795 TGAGCGCATGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 854
DB 317 TGAACGCCATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 258
QY 855 GGTCAATTTTGAACCAAAAGTATGATGAGAGGTAATTTTGAAGCCATAGGGGATG 914
DB 257 AGTCAATTTTAACTCAAAAGTATGATTAATTTTATTTTGAAGTCAATAGGTGACGA 198
QY 915 AAGATTTTGAAGCCAAATATGATGATGAGAGATTAATTTTATCATTTCTAAT 972
DB 197 TGGTATGTTTGTAT--CAATTCGAATCTTTGAGATATTTTGAAGCCCTTTTGAAT 143
```

RESULT 11
US-10-312-841-1/c
Sequence 1, Application US/10312841
Publication No. US20030186277A1
GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Epigenomics AG
TITLE OF INVENTION: Diagnose von bedeutenden genetischen Parametern innerhalb des MHC
FILE REFERENCE: E01/1208/NO
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/312,841
CURRENT FILING DATE: 2002-12-30
NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
SEQ ID NO 1
LENGTH: 3673778
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:

OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
FEATURE:
NAME/KEY: unsure
LOCATION: (3294164)
US-10-312-841-1

Query Match 2.9%; Score 216.6; DB 16; Length 3673778;
Best Local Similarity 45.0%; Pred. No. 6.4e-20;
Matches 1058; Conservative 0; Mismatches 1274; Indels 17; Gaps 6;

```
QY 1042 CATCTATTAATTCGCTTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATTAAT 1101
DB 1715383 CATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715324
QY 1102 TTTTTCATTAATTCGATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATTAAT 1161
DB 1715323 TAAATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715264
QY 1162 TAATATTTAACAAGATTTGTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATTA 1221
DB 1715263 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715204
QY 1222 AAACATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1281
DB 1715203 AAAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715144
QY 1282 AAATGTCAGAAACCTTTGCTTAATTAATTCCTCAATCCAACTAATTAATTAAT 1341
DB 1715143 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715084
QY 1342 ACAATTAACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1401
DB 1715083 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715024
```

[illegible][illegible]

RESULT 12
 US-09-782-130-26/c
 ; Sequence 26, Application US/09782130
 ; Publication No. US20040055038A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: KNAUF, VIC C.
 ; APPLICANT: KRIDL, JEAN C.
 ; TITLE OF INVENTION: METHODS AND COMPOSITIONS FOR REGULATED TRANSCRIPTION

```

; TITLE OF INVENTION: AND EXPRESSION OF HETEROLOGOUS GENES
; FILE REFERENCE: 16518.052
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/782,130
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/232,861
; PRIOR FILING DATE: 1999-01-15
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/812,665
; PRIOR FILING DATE: 1997-03-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/484,941
; PRIOR FILING DATE: 1995-06-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/105,852
; PRIOR FILING DATE: 1993-08-10
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/526,123
; PRIOR FILING DATE: 1990-05-21
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/267,685
; PRIOR FILING DATE: 1988-11-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 06/692,605
; PRIOR FILING DATE: 1985-01-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/582,241
; PRIOR FILING DATE: 1990-09-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/168,361
; PRIOR FILING DATE: 1988-04-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/168,190
; REMAINING PRIOR APPLICATION DATA REMOVED - See File Wrapper or PALM.
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 35
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 26
; LENGTH: 2207
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lycopersicon esculentum
US-09-782-130-26

```

```

Query Match
Best Local Similarity 58.1%; Score 215.6; DB 11; Length 2207;
Matches 459; Conservative 0; Mismatches 319; Indels 12; Gaps 4;

```

```

QY 188 AAAAATGACATCCGTCACCTATGACGCCAAATTAATATATATCCACTTTGAGTTT 247
DB 925 AAAATATCCTTCATCCCTATGCTCTTAATTAACCTCTCATCTTTGGGCTTC 866
QY 248 AAAATGACATCTTATATTAACATTTCTTAATTTAACTATTTTAACTTTTAAATAC 307
DB 865 AAAATGACATTTATATCTTAACGCTTTAAATTAACCTA-TTAAATTTTAAATAC 807
QY 308 ATGGGCTCAATATTTATATATTTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 367
DB 806 ATGGGCTCAATATTTGTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 747
QY 368 ACCAATCATTAATCAATTAATCCCAATTTCTATCAAAATTTGCTTAACACT 427
DB 746 ACCAATCATTAATCAATTAATCAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 687
QY 428 ACTAAACAGACCAATTTGTCGATCGAATCGAAGCACAATCTAATTTAGTTAG 487
DB 686 TGATGACTTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 627
QY 488 CCGATATTTAGAGGACACTTCAATAGATTTTTCAGAGCAATTTGAATTTAA 547
DB 626 CAAATCTAATATTTATATATATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 567
QY 548 GATTAATGTAAGAGTGTACACCGAATTAATTCAGCTTTTAAATATATATAT 607
DB 566 TACTTCTTAACCTAATCTTAATTTCA--AAATTCAGCTTGAATAAATTAATTTGA 510
QY 608 ATAAATATTTATGATTTGTTTAAATATTAATTTGAATATATTTTAAATTAAT 667
DB 509 AAGTGTCTCTTAATATGCGGTCACTAATTTAGATTTGCTTGAATTCGAGCTCG 450
QY 668 ATCTATTAAGTCAATCAATATTAATGAGCGAATTAATTAATTAATTAATTAAT 723
DB 449 AACAAATTTGCTGTTGTTTATGATGTTTGAAGCAATTTGATGTAATTTGGGCTCG 390

```

```

QY 724 -TTTATTAAGTAAAGATGCTAGTAAATTTATTTAATTAATTAATTAATTAAT 782
DB 389 ATTTAATTAATTAAGTAAAGTAAATTTGTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAAT 330
QY 783 ATAAATTAATTTAGAGGCTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 842
DB 329 ATATTAATTAATTTAGAGGCTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 270
QY 843 CGTTAGATTAATTTGCTAATTTTGAACCAAAAGTGAATGAAGGTTATTTAGACCA 902
DB 269 TGTATTAATTAATTTGCTAATTTTGAACCAAAAGTGAATTAATTTATTTAGAGTCA 210
QY 903 TAGGGGATGAGAGATTTATTTGAAGCCAAATTAATTAATTAATTAATTTGAT 962
DB 209 TAGGTGACGATGATGTTTGTGA--CAATTCGAATTTCTTTGAGAAATTTAGGCC 153
QY 963 CATTCTAAT 972
DB 152 CTTTTCGAAT 143

```

```

RESULT 13
US-10-473-126-240/c
; Sequence 240, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; FILE REFERENCE: proliferative disorders
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2003-09-26
; SEQ ID NO 240
; LENGTH: 8056
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-240

```

```

Query Match
Best Local Similarity 45.2%; Score 200.2; DB 18; Length 8056;
Matches 1085; Conservative 0; Mismatches 1278; Indels 38; Gaps 8;

```

```

QY 38 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 97
DB 2400 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2341
QY 98 AATGCGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 157
DB 2340 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2281
QY 158 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 217
DB 2280 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2223
QY 218 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 277
DB 2222 TTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTT 2163
QY 278 TTTTAACTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAT 337
DB 2162 TTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAT 2106
QY 338 TTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 397
DB 2105 TTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2046
QY 398 AATTTCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 457
DB 2045 TATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1986

```


Oy	458	AATGACAGCACCAACTAATTAGGTGAGCGCATATTTGAGAGACACTTCAA [*] TGT	517
Db	1965	TTAAATTAATAATTTATTTAAAAAATAATATTTTTTTTATTAATATAATTAAT	1928
Oy	518	ATTTTTTCAGCAGTAGAATTTGAATTTAAGATTAAGTAAGAAGATGATACCCGAA	577
Db	1925	ATTTTTTTTTTTTATTAABAAAATTTTATATTTTATTAATTAABAAAABAATAATATTTATTA	1866
Oy	578	TTAATTCATGCCTTTTTTAAATATATATATTAATAATTTATGATGGTTTAAATATTA	637
Db	1865	TTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAACGAATTTTATTTATTAATTAATTA	1806
Oy	638	AAACGTGAATATATAT-----TTTAAAAAATATATTAATAGATAC	680
Db	1805	AAATATATATACGATATTAATTTTAAATTTTAAATTAATAAATTTTTTTATTTAAAT	1746
Oy	681	CATCACAATATGAGACGAGATATATPAAGATGA----ACATAGTGTATATPATAT	736
Db	1745	TTTTTAATTAATTAATAATTAATAATATATATATATTAATTAATTAATTTTATATATTTA	1686
Oy	737	GGAATGGTAGTAATTTATTTAAATATATCAATPAAGTPAATTAATTAACAATATVTG	796
Db	1685	ATPAAAAATAAATTTTATCGATATATTAATAATATTTTTTTTATTTTACGATCGT	1626
Oy	797	AGCGGCATGATTTTAAAAAATATTAATPAAGTTGAATTTAAACCGTATATPAATG	856
Db	1625	ATTTGCAATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATAATTAATAATTAATTAATTAAT	1566
Oy	857	TCAATTTTGAACCCAAAGTGAGATGAGAGGATTTTTRAGACCATATGGGGATGAGAA	916
Db	1565	AATTTTTTAAABAAAATAATTTATTTATTAABAAAATTTTTRAGATATTAATTTATAT	1506
Oy	917	GGATATTTTGAAGCCAATATGATGATGAGATGAAGATATTTTGTATCATCTTCTAATCT	976
Db	1505	ATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1446
Oy	977	TAAAGATATTTTAGTCATTTCCCTCTTAATGTTATAGCATATAGTGTATGTCATCG	1038
Db	1445	ATTTTTTTTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATCGATATATTTTATTA	1386
Oy	1037	AATATCATCTATATATTCGCTTAATATTTTTTATTTTATTAATTTTAAAAAATPA	1096
Db	1385	AAAAAAAAATTAATTTTATTAATAAATAATTAATAATTTTATTTTATTAATAATAT	1328
Oy	1097	ATTAATTTTTC-----ATTAACTTGTATGTAATTAATTTTAAAAATTAACAAC	1148
Db	1325	AATTAATTTTTTTTAAATTTATTAATTTTAAAAAATATACGTTTTTAATATTAATAT	1266
Oy	1149	ATATTAATTAATAATTAATTTTACAAGAATGTATACATATATTTTATTAATTTCA	1208
Db	1265	AATTAATGTAAGTTTTTTTTTATTCGAAAAATTAATTTTATTAATAAATAATTAATTA	1206
Oy	1209	AATTAATTTTTTAAACATATATTAAGAATAATTCGAAAA--AATGAGACGGAGAA	1267
Db	1205	AATATATTAATAATTTTAAAAATTAATTAATTAATTCGAAAAATATTAATTTTAAATTT	1146
Oy	1268	GACAAAGCAGACAAAAATGCCAGAAATCTCTTGTCTAAATATCTCTCATCAACATA	1327
Db	1145	TGCAATATCGAAAAAATAATTAABAAAAGAAATATATAACGTTTTTAAACGTTAAAA	1086
Oy	1328	ATATATATACCATTAACAATTAACATATGACCAATCAAAACCGTTAAAAATCTATTAAT	1387
Db	1085	AACGATATTAACAAGAAATTTTTTTTATTTAGCTATTTAAATTCGAATTTAAAAAATAT	1026
Oy	1388	AGACAAACCCCTCCATACCTTATATCTAATAAATAAATAATTAATCTTTTCATATGACA	1447
Db	1025	AAAAAAAAATTTTAAAAATATATTTTAAAAAATAATTAATTAATTTTATTCGTTTAA	966
Oy	1448	GTTTAAAAACCATATATTAACATATATCATGCTGTATCCAAAAGGAATAGATATCTCT	1507
Db	965	ATTAABAAAATAAATAATTTATTTTAAAAAATAATTTATATCGAABACGAGAAATATATTA	906
Oy	1508	TCTCATTAATATTTTGTCTCATCAATTTCAACTTGTAAGAACATGTTATATGATGACAA	1567

Db 905 AAATRTAAATTTAAATTAATTCGAAATTTTATATACGTAAGAAAAAATTAAGAAAAACGATT 846

Qy 1568 TTTATTCAGAACAGATTATGATATATATCTTGAACAGAAATTCGTCATGATTTTCAGC 1627

Db 845 TTTTAAATTAATAATATTTTAAATTAATTCGTTATTAATTAATTTAAATATATATATATAA 786

Qy 1628 TTAATCTTCTTATTTGAGCAAAAATATTTGAAGACACATATATTTGACAAAGTTGATTA 1687

Db 785 TATAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 726

Qy 1668 AATGCGATTTAAAGATTAATGATCTAGCTTGAGACTAAGGATGAGAAAAACATA 1747

Db 725 TTTTAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 666

Qy 1748 TGATTAATATGTAAGTATTTAAATTTGATATATTTTGCGGGATGAAAAATGATAGAGA 1807

Db 665 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 606

Qy 1808 ATATATAGATTTATTTGAGAGATGAAAAAGTTATATTTTATTAATAGTACAAAAATATTTCT 1867

Db 605 TTATTAATATATATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 546

Qy 1868 CGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTCTGTTAAGGAGGAAAAAGCATTTTCAT 1927

Db 545 AATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 486

Qy 1928 GGTACTGATATTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTGCTATATCTACAGATA 1987

Db 485 ATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 428

Qy 1988 AGACACTATATTTGATGATTTAGTGTGCAAAAAGAAATGATAGTATTTTGGTTAATA 2047

Db 427 AAATTAATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 368

Qy 2048 TAACATCAATTTCTTATATGTAATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCGTAATCCATAA 2107

Db 367 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 308

Qy 2108 GTGGGCTCTGATTAATTAAGATTAAGTATCTATTCATTTCTTAACCTTATTTTAAATTTAGTG 2167

Db 307 AATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 248

Qy 2168 GAAACCTGACAAAAAGCAACAAAGTATTCAAATTTTAAATTTGCGAAATTCGAGACCA 2226

Db 247 TAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 188

Qy 2227 ACCATATGACACACCTCACATGCAATATAGTCTTAATATATATATTTTCTTAAATTT 2286

Db 187 TTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 128

Qy 2287 ATCTTCATCTACCATATTTGAAATTTATGAAAAATGATTTTAAATTTCTATTCGACACATAT 2346

Db 127 ATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 68

Qy 2347 CAAAGATTTCTTAAAGATTTTACACTACATTTGTATGTTCTTATCGTGTAAATTT 2406

Db 67 AAAAAAAAAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 8

Qy 2407 A 2407

Db 7 A 7

RESULT 14
US-10-473-126-240
; Sequence 240, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomic AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; FILE REFERENCE: proliferative disorders

Query Match	2.5%	Score 188.6	DB 18	Length 8056
Best Local Similarity	44.7% <td>Pred. No. 6.9e-17</td> <td></td> <td></td>	Pred. No. 6.9e-17		
Matches 1251; Conservative	0	Mismatches 1404		

Qy	594	TTAAATAAATTAATATAAATATAATTAATGATTTGTTTAAATAATAAACTTGAAATATTA	653
Db	11	TTTAAATAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	70
Qy	654	TTTTTAAAAAATATCTATTAAAGTACCATCAATTAATGAGCAGAGATTAATTAAGAT	713
Db	71	TTTTTTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT	130
Qy	714	GAACATAGTGTAAATAGTAATGAGTGGTAGTAATTTATTTAATTAATTAATGCAATA	773
Db	131	TTAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT	190
Qy	774	AGTTAAATTAACAATAATTGAGCGCATGATTTTAAAAAATTAATAATTAAGTTGA	833
Db	191	TTAATTTAATTAATTTATTTAATTTTAAATAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT	250
Qy	834	ATTTAAACCGTAGTAATATGTCATTTTGAACCCAAAAGTGATGAGAGGTATTT	893
Db	251	ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT	310
Qy	894	TAGAGCAATAGGGGATGAGAAGATATTTGAGCAATATGATGATGAGATGA	953
Db	311	TTTTTAAAAAATAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	369
Qy	954	ATTTGTATCATTTCTAATACCTTTAAGAATATTTAGTCATTTTCCCTCTTAGTTTA	1013
Db	370	ACGAATATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	429
Qy	1014	TAGACTATGATGTGATTCATGAATATCATCTATATTTCCGCTTAATTTATTTTA	1073
Db	430	TTTTTTTTTAAATAATTAATAATTAATTTTAAATAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTA	489
Qy	1074	TTTTTAAATTTTAAATAATTAATTAATTTTTCATTTAAGTTGATTTAATTAATTT	1133
Db	490	AAAAATTAATTTAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAT	549
Qy	1134	TTAAATAATTAACAATATTAATTAATTTA---ATATTTAACAAGAATGTATACATAAT	1190
Db	550	ATTAATTAATTAATTAACGTTTATTTAAATAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	609
Qy	1191	ATTTTAAATTAATTAACAATAATTAATTTTAAACATCATATAAAGAATGACAAATA	1250
Db	610	ATATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT	667
Qy	1251	AAATTTGAGCGGAGAAGACAAGCCAGCAAAAATGCCAAGAACTCTTGCTTAAT	1310
Db	668	AAAAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAATA	727
Qy	1311	ATCTCATCCAAACTAATTAATTAATCCCATTAACAATTAACATTTGACCACTCAAC	1370
Db	728	ATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAATTT	787
Qy	1371	CTTTAAATCTATTAATTAAGCAAACTCCATCCATCCCTTAATCAATTAATAAATAATTAATA	1430
Db	788	TAAATTAATTAATTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTAATTA	847
Qy	1431	TCTTTTCATTAAGAGTTTAAATAACATACATTAACAATATATCATGGTATTC	1490

Db	848	TCGTTTTTTTATTTTTTTTTTACGATATAAAAATTCGTATTAATTAATTAATTTTATA	907
Qy	1491	AGGAATAGTATTCCTCTTCATTAATTAATTTGGCTTCATTCATTTCAACTGTGAGAC	1550
Db	908	ATTAATTTTCGCGTTTTCGTATTAATTTTTTTTAAAAATTAATTTTTTTTATATT	967
Qy	1551	AATGTATTCATGCAATTTATTCGAAACAAGTTATGATTAATATCTTGACACAGAAATTT	1610
Db	968	AAAGCAAT--AAATATATATTAATTAATTTTTTAAAAATATATTTTTTAAAAATTTTTT	1024
Qy	1611	GCTCATGATTTTCAAGCTTATCTTCTTAATTTGACGAAAAATATGAGACAAATPAT	1670
Db	1025	TATATTTTTTAAATTCGAAATTTATATTCGTAATATAAAAATTTGCTTTAATTCGT	1084
Qy	1671	ATTGACAGGTGATTAATAATGGATTAATAGATTAATGACTTAAGCTTTGAGCTAAG	1730
Db	1085	TTTTTTTTTACGTTTTTAAACGTAATATATCGTTTTTAAATATTTTTTCGATATTCG	1144
Qy	1731	GGTCATGCAAAAAACATATGATATATATGTAAGTATTTAAATATGGAATATATTTGGG	1790
Db	1145	AAATTTAAATTAATTAATTTTCGATTTATTTATTAATTTATTTTAAATTTTAAATAT	1204
Qy	1791	GATGAAAATGATAGAAATATAGAATTAATTCGAAGATGAAAAGTTAATTTATTAAT	1850
Db	1205	TTAATTTAATTTTTTAAATTAATTAATATTTTTTTCGATAAAAAAAACGTTACGTAT	1264
Qy	1851	GATGAAAATTAATTTTCGTTTTTGTATTAAGTGAATAGACTTCTCGTTAAGCAG	1910
Db	1265	TATATTAATTAATTAATAAACGTATATTTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1324
Qy	1911	GAAAACGTATTTCCATGTAACGTATTTTTTTTTTACTTTTAAATGACGTATPAT	1970
Db	1325	TATTAATTTTAAATTAATAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTAATAATTTAT	1384
Qy	1971	TGCTATCTCAAGATTAAGACATTTATTTGATGATTTAAGTCGGAAGAAATGTAT	2030
Db	1385	TATTAATAATTAATTAATCGATTTTTTTTTTAAATTTTTTAAATTTTTTAAAAA	1444
Qy	2031	AGTAATTTTGCTTAATTAATTAATCAATTTCTTAATGATTTTTTCAACGAAAATAC	2090
Db	1445	TAAATATTTATTTTTTAAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1504
Qy	2091	AAAGCGTAATCCATTAAGTGCGCTCTAGAATAAAGATAGTCTTAATCAATTCCTAAC	2150
Db	1505	TAAATATTAATAATTAATTAATCGTTAAATAAATTTTTTAAATTAATTTTTTAAAAAT	1564
Qy	2151	CTTATTTAATTTTATAGTGAAACCTCGCAAAACGCA--ACAAACGATTCGAACTTTATA	2209
Db	1565	TATATTTAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTTAATTTTAATTTTAATTTTAATTTTA	1624
Qy	2210	TTGGAATTTGAGACCAACATATGACAACTCACACATGCATATAGCTTAATATATA	2269
Db	1625	TAAACGATCGTAATAATTAATAAATAATTTATTAATTAATGATTAATTTTATTTTA	1684
Qy	2270	TATTTTTCTAAAAAATATCTTAATCTAACATATGGAATATGAAAAATGACTTTTAT	2329
Db	1685	TTAAATTTAATTAATAATTAATTA--TATTAATTAATTAATTTTAATTTTAAATTTT	1741
Qy	2330	CTATGCAACATTAATCAAGATTTCTTTAAGATTTTACACATACATTTGATATGTT	2389
Db	1742	AAAAAATTAATAAATAAATTTTTTAAATTAATAAATTTAATAATTTAATTTAT	1801
Qy	2390	CTTATCGTTAAATTAATCTTCAGGCAATTTGACAAAGCATGAATGAGCATGTTTAT	2449
Db	1802	ATTTTAATTTAATTAATAAATAAATTTTCGTTTAAAAAAAATTTTTTAAAAA	1861
Qy	2450	CTAGAACACCTGTTCATTTTGTTGCTCTTAAACCAAGATTAATCTCTCAAGAAATCA	2509
Db	1862	TTAATTTAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTAATTAATAAATTTTATTAATAA	1921
Qy	2510	CTTTTCAGGTCAATGCAAGATCTTATTTCAATTAAGGTTAGCATATGATTAATTA	2569
Db	1922	-----AAATATTAATTAATTTAAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAA	1955

Qy	2570	TCCTCTTGTAGAAATTAATATCTGCTTTATGACAAAATTTAAGAAAGTAACAGAA	2629
Db	1956	TAATTTTTTAAAAATAAATATTAATTAATTTTATTTAAAAATTTAATAAAATTTTAAA	2015
Qy	2630	TAGATAAACAAATGAATTTTCGTCAATATTAGCGGATTAAGTGAAGAAATTATCAAAATGT	2689
Db	2016	TATATTTTAAAAATAAATATATATTTTAAATATTTTATTTTAAAAATTTTATTAABAA	2075
Qy	2690	TATCTAGCTATGAGCAACTTAGCTATGAATTACCTAGTGAAGAGTTTGATGCTAATTC	2749
Db	2076	TATTTTAAATATTTTAAATATTAATTAATTAATTTATTTT-----TAAATATATTTTAAATAA	2128
Qy	2750	TATTTTTTTTGTAGAGTAAGATATTGGAACACATGATATATATTAATATATGCT	2809
Db	2129	TTTTTTATTTTATTAATAATTAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	2188
Qy	2810	TAAATTAATATGTCATGATAGTTCAAACTAAGAACCTGTCAAAAGAAATTAAGAAAGAA	2869
Db	2189	TTAAAAAAGC-AAAAAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTAAT	2247
Qy	2870	ATATTTATTTTAAAAATTAATAATAAAGAAATATGAGAAATTAATTCMAAGGAGAG	2929
Db	2248	TTTTTAAATTTTAAAAATTAATAATAAATTTTAATTTTAAATTTATTTATTTTAAAA	2307
Qy	2930	GTATTTACATATCTATGCGGATTAAGAGATTTATATGTAAGAAACAGCATACACA	2989
Db	2308	TAAATTTATTAATTTTCGATTTAAATTAATTTTATTTATTTTAAATTAATAATTTTAT	2367
Qy	2990	TATCTAATTAAGTCATATAA-----TGATATTAATAATAATAGTGTAGCAACAGTTA	3043
Db	2368	TTTTTAAATATATTTATTAATTAATTTATTAATTTTCGAAAAATTAATAAAAAATAATTTAT	2427
Qy	3044	TCCTTACAAAACCTTTGTGGGGTATGATCGATCCAGAGCTGTTCCAGACTCTTGCTTA	3103
Db	2428	TTAATTTTTTAAAAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTAATTTTATTTATTTTCGTTTT	2487
Qy	3104	AAAAAAATGTTTTTCTTAATTAAGTTTGAAGAAGATGTTATATGATGAAAAATAGAAGAA	3163
Db	2488	AAATTAATTAATAATTTTACAGAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	2547
Qy	3164	AAACATATCAATTAATAATAATTAATAAGTAATCAAGTAAGCAAGAAATPACATATGGAATA	3223
Db	2548	AAAAATTTTAAAAATTTTAAATTAATAATTTTAAAAATTAATAATAATAACCAAAAAAAATTT	2607
Qy	3224	ATATCGATTAATGAATAATTAGTGGCTTTTGCTTACATATCTAGTTTATTCATGTT	3283
Db	2608	ATTAATATTAAT---AATTTAAAAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT	2664
Qy	3284	TCCTTAAATTCCTCTTATTTTATTTTGTAAATTACTAATGACAGATTTTGGATCCTTAGA	3343
Db	2665	TAAAAATTAATAATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTATTAATTTTATTTTAAATAAATA	2724
Qy	3344	AGCATCTAGTAAATTTTCAAGCTACAAAGATGAAGGCTTT	3384
Db	2725	ATTCGTTAAATTAATTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTTT	2765

```

RESULT 15
US-10-312-841-1
; Sequence 1, Application US/10312841
; Publication No. US20030186277A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Diagnose von bedeutenden genetischen Parametern innerhalb des MHC
; FILE REFERENCE: E01/1208/WO
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/312,841
; CURRENT FILING DATE: 2002-12-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3673778
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence

```

```
;; FEATURE: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
;; OTHER INFORMATION:
;; FEATURE:
;; NAME/KEY: unsure
;; LOCATION: (3294164)
US-10-312-841-1
```

Query Match	2.4%;	Score 179.8;	DB 16;	Length 3673778;
Best Local Similarity	44.0%;	Pred. No. 1e-14;		
Matches 1252;	Conservative	0;	Mismatches 1557;	Indels 38; Gaps 10;

Oy	613	TATTATGATGTTGGTTTAAATATTAATAAAGCTGGAATATATATTTTAAATAAAATTAATCTA	672
Db	1712305	TGTTTTTACGTTTGTAGATAGTATTATTATGCGATTTTGCTATGTCGTACGTACTATTTA	1712964
Oy	673	TTAAGTACCATCAATATTTGAGACGAGAAATTAAGATGACATAGTGTTTAATTAG	732
Db	1712965	ATAAGTATATATATATATTTATATTTATATATGTTTTATATATATATATATATATATG	1713024
Oy	733	TAAATGATGGGTAAATTTATTTAATAATTTATCAATAGTTAAATTTATACAAATA	792
Db	1713025	TTTATATATATATATATATATATATATATATATTTATTTATTTATATTTTGTGTATTA	1713084
Oy	793	TTTGAGCGCATGATTTTAAAAAATATTAATAAGTTCAATTTAAACCGTTAGATAA	852
Db	1713085	TTAAATATTTAATTA	1713144
Oy	853	ATGCTCAATTTGACCCAAAAGTGATGAGAGGGTATTTTACGCCAATAGGGGATG	912
Db	1713145	TATTTGTGCTGTGTATATATATATTTTATATATTTTATATATATATATATATATATA	1713204
Oy	913	AGAAAGATTTTTGACCCAAATATGATAGATGAGAGATAATTTGTATCATTTCTAAT	972
Db	1713205	TGTATTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATTTTATATATATTTATATATTTT	1713264
Oy	973	ACTTAAAGATATTTTACGTCAATTTCCCTCTTTAGTTTATAGACATATGTTTACGTC	1032
Db	1713265	ATTTTATATATTTTATATATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATTTT	1713324
Oy	1033	ATCGCA-ATATATCTATATATTTCCGCTTAAATTTATTTTATTTTATTAATTTTAAAT	1093
Db	1713325	ATATATATTTTATATATATTTTATATATATATATATATATTTTATATATATATATATTTTA	1713384
Oy	1092	AATATAATATTTTTCATTTTAACTGTTGATTTGATTAAT-TTTTAAATAATTCACCAAT	1150
Db	1713385	TATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATAT	1713444
Oy	1151	ATTAATATTAATTTATATTTTAAACAAAGATTTGTAACATATATTTTAAATTTATTCAAA	1210
Db	1713445	ATATATTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATA	1713504
Oy	1211	TAAATATTTTAAACATCATATATAAAGAAATAGACACAAAATAATGAGACGGAGAGAC	1270
Db	1713505	TATATATTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATATTTT	1713564
Oy	1271	AAGCGACAAAAATGTCAGAGAAATCTTTGCTAAATATCTCATCCATCCAACTATA	1330
Db	1713565	ATATATATTTTATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATTT	1713624
Oy	1331	TAAATACCATTTACATTTAACCATATTGACCAACTCAAAACCCCTTAAATCTATATAATAGA	1390
Db	1713625	TTATATATTTTATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATA	1713684
Oy	1391	CAAAACCTTCCCAACCTCTATCATATAAAAAAATAATATCTTTTCAATAGACAAAGTT	1450
Db	1713685	TTTTATATATATTTTATATATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATA	1713744
Oy	1451	TAAAAACCATACATATATACAAATATATCATGTTATCCAAAGATATGATTTCTCCTCT	1510
Db	1713745	TATATATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATTTATA	1713804
Oy	1511	CATTATTAATTTTGCTTCATCATTTTGCACCTTGTAGAGACAAAGTTATTTGATGACAAATTT	1570

Db 1713805 TATATTTTATATATTTTATATATTTTATATATTTTATATATTTTATATATTTT 1713864
 QY 1571 ATTCAGCAAGCTTATGATATATCTTGACAGAAATTTGCTATGATTTTCAAGCTTA 1630
 Db 1713865 TATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1713924
 QY 1631 TCTTTCTTATTTGACAAAATATTTGAAAAGCAACATATATTTGCAAGTTGATPAAAA 1690
 Db 1713925 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1713984
 QY 1691 TGGGATTAAGGATTAATGATCTTACCTT-----TGAAGCTAAGGCTAGGAAAA 1743
 Db 1713985 TATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1714044
 QY 1744 CATATGATATATTTGATAGTATTTTAAATTTGAAATATATTTGGGGAGTGAATAAGTA 1803
 Db 1714045 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATA 1714104
 QY 1804 GAGATATPAGAAATTTATTTGGAAGATGAAAAAGTTATATTTTATATAGTAAAAATTTAT 1863
 Db 1714105 TTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714164
 QY 1864 TTCGCTTTTATAGTATTAAGGAAAAAGAGTTTCTGCTPAGCGAAGAAAGCTATTTT 1923
 Db 1714165 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714224
 QY 1924 CCATGTACTGATTTTTTTTTTACTTTTATATAGTATATACGTATGATTTGCTATCTCAG 1983
 Db 1714225 ATATATTTTATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1714284
 QY 1984 AATTAAGACCTTATTTATGATGATTTAGTGTGCAAAAAAGAAATGATAGTAATTTTCT- 2042
 Db 1714285 TTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATA 1714344
 QY 2043 --TATATTAACCTATCAATTTCTPATAATGATATTTTCAACCAAAATPACAAAGCTTAAT 2100
 Db 1714345 TATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATA 1714404
 QY 2101 CCAATTAAGTGGCTCTAGATATAAAGATGATCTTATCTCAATTTCTTAACT----- 2152
 Db 1714405 ATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTT 1714464
 QY 2153 TATTTATTTTATAGGAAAGCTGCAAAAAAGCAAGATGATTTCAACTTTTATATTC 2212
 Db 1714465 TATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTAT 1714524
 QY 2213 GSAATTCAGACCAACATATGAAACAACCTCACACATGATATAGTCTAATATATATA 2272
 Db 1714525 ATATATTTTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATATAT 1714584
 QY 2273 TTTTTCCTAAAAATATCTTCATATCTACATTTGAAATATGAAAAATGACTTTTATCCT 2332
 Db 1714585 TTTATGATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATATATATTTT 1714644
 QY 2333 ATCGAACACATATCAAGAGTTCTTTAAGATTTTACCACTACATTTGGTATGTTCTT 2392
 Db 1714645 TATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1714704
 QY 2393 ATCGTGTAAAAATATCTTTCAAGCAATTTGAGCAAGCATGGAATGAGCAATGTCATCTA 2452
 Db 1714705 TTTATATGATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1714764
 QY 2453 GAACACCTGTTCAATTTGGTCTCTPAAAAACAAGATTAATCTTCAAGCAATCACT 2512
 Db 1714765 ATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATATATATTTT 1714824
 QY 2513 TTTCAAGTTCATGCAATCTTCAATTCGTAAGGTTAGCAATGATATATTTATAT-- 2570
 Db 1714825 TATTTTATATATATAGTATATATATTTTATATGATATATATTTTATATATATATATAT 1714884
 QY 2571 ---CCTCTTGTAGCAATATATATCTGTTTATGACAAAAATTTAAGAAAGTAATCAAA 2627
 Db 1714885 ATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATATATTTT 1714944

QY 2628 GATPATAAACAAATGAATTTTTCCTCACTAATTTAGCGGATTTAGTGGAATTTATCAAAAT 2687
 Db 1714945 TGTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATAT 1715004
 QY 2688 GTTATATG-----TAGCTATAGGCAACTTACTCTATGAAATTTAGCTATAGGAAAGACTTGG 2739
 Db 1715005 TTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1715064
 QY 2740 ATGCTAATCTATTTTTTTTTTGTAGATPAAAGATATTTGAAAACACATGATATATATTT 2799
 Db 1715065 TATATATATATTTTATATATATATATATTTTATATATATTTTATATATATATATTTT 1715124
 QY 2800 AATTAATGCTTATATATATATGTCATAGCATGATGCTCAACTPAAAAAGCTGCAAAAGAAA 2859
 Db 1715125 TATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATA 1715184
 QY 2860 TAAGAAAAAGAAATTTATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 2919
 Db 1715185 TATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1715244
 QY 2920 AAGCGAAAGGATTTATCATATCTATGGGATPAAAAAGATATATATATATATATATATATAT 2979
 Db 1715245 ATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1715304
 QY 2980 GCACTPACATATCTAATPAAAG---TCTCATAAATGCAATATATATATATATATATATAT 3036
 Db 1715305 ATTTTATATATATATTTTATATATATATTTTATATATATATATATATATATATAT 1715363
 QY 3037 ACAGTTATCCCTACAAAACTTTTGTGGGATGATCGATCCAGAGTTGTTCCAGACTC 3096
 Db 1715364 ATATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1715423
 QY 3097 TTGCTTAAAAAAATGTTTTTTCTAATPAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAAATA 3156
 Db 1715424 ATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTAT 1715483
 QY 3157 TGAAGAAAAACATCATATTTTAAATATPAAAGTATPAAAGTAAAGTAAAGAAATA-ACAA 3215
 Db 1715484 TATATATATATATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTT 1715543
 QY 3216 TTAGAATATATCTCAATATATGAAAAATTTAGTGGCTTTTCGTTAACATATCTTATGTTAT 3275
 Db 1715544 TTTGATATGATPAGATTTTGGTATPAGAGTGTTTGAAGAAATPAGAAATTTAAGATG 1715603
 QY 3276 TCAATGTTCTTAAATTTCCCTCTTATTTTGTGAATTAATATGCAAGATTTTGGGA 3335
 Db 1715604 GAGTTTTTTTGTAGTTTGAAGGGTTTTGAGAGTTGGTGTATATATGATTTAGATTAAA 1715663
 QY 3336 TCCCTTAGAAGCATCTAGTAAAAATTTCAAGCTACAAAGATPAGAGCTTTGGATTGCTTTT 3395
 Db 1715664 AATGTTAAGATTTATTTTATATATGATGGAAGATGTTGATGTTTGGTATGAATTTG 1715723
 QY 3396 GATPAGTTCAAAATTTTATGTTGGGA 3422
 Db 1715724 TTTAGAGATPAAAGTAAATPAAATGTA 1715750

Search completed: March 2, 2005, 02:06:52
 Job time : 4548 secs